



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets : C12N 15/52, C12P 19/62, C12Q 1/68, C12N 1/20 // (C12N 1/20, C12R 1:01)	A2	(11) Numéro de publication internationale: WO 99/05283 (43) Date de publication internationale: 4 février 1999 (04.02.99)
(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR98/01593 (22) Date de dépôt international: 21 juillet 1998 (21.07.98) (30) Données relatives à la priorité: 97/09458 25 juillet 1997 (25.07.97) FR 98/07411 12 juin 1998 (12.06.98) FR (71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): HOECHST MARION ROUSSEL [FR/FR]; 1, terrasse Bellini, F-92800 Puteaux (FR). (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): FROMENTIN, Claude [FR/FR]; 16, rue de Flandres, F-75019 Paris (FR). MICHEL, Jean-Marc [FR/FR]; 22, rue des Domeliers, F-60200 Compiègne (FR). RAYNAL, Marie-Cécile [FR/FR]; 117, avenue de Choisy, F-75013 Paris (FR). SALAH-BEY, Khadidja [DZ/FR]; Appartement 2042, 100, boulevard Masséna, F-75013 Paris (FR). CORTES, Jesus [MX/GB]; 26 Cambanks, Union Lane, Cambridge CB4 1PZ (GB). GAISSE, Sabine [DE/GB]; 37 Gwydir Street, Cambridge CB1 2LG (GB). LEADLAY, Peter [GB/GB]; 17 Clarendon Road, Cambridge CB2 2BH (GB). MENDEZ, Carmen [ES/ES]; Calle Marcelino Fernandez 7, 2 ^e B, E-33010 Oviedo (ES). SALAS, Jose, A. [ES/ES]; Calle	Guillermo Estrada, 2-Bajo Izquierda, E-33060 Oviedo (ES). (74) Mandataire: VIEILLEFOSSE, Jean, Claude; Hoechst Marion Roussel, 102, route de Noisy, F-93235 Romainville Cedex (FR). (81) Etats désignés: BR, CA, JP, MX, TR, US, brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Publiée <i>Sans rapport de recherche internationale, sera republiée dès réception de ce rapport.</i>	
(54) Title: BIOSYNTHESIS GENES AND TRANSFER OF 6-DESOXY-HEXOSES IN SACCHAROPOLYSPORA ERYTHRAEA AND IN STREPTOMYCES ANTIBIOTICUS AND THEIR USE		
(54) Titre: GENES DE BIOSYNTHESE ET DE TRANSFERT DES 6-DESOXYHEXOSES CHEZ SACCHAROPOLYSPORA ERYTHRAEA ET CHEZ STREPTOMYCES ANTIBIOTICUS ET LEUR UTILISATION		
(57) Abstract		
<p>The invention concerns the isolated DNA sequence represented in figure 2 (SEQ ID No. 1) corresponding to the <i>eryG-eryAIII</i> region of the cluster of the erythromycin biosynthesis genes and the isolated DNA sequence represented in figure 3 (SEQ ID No. 6) corresponding to the <i>eryAI-eryK</i> region of the cluster of the erythromycin biosynthesis genes. The invention also concerns the isolated DNA sequence represented in figure 22 (SEQ ID No. 15 sequence) corresponding to a region of the oleandomycin biosynthesis genes (SEQ ID No. 15 sequence).</p>		
(57) Abrégé		
<p>L'invention a pour objet la séquence d'ADN isolée représentée à la figure 2 (SEQ ID No. 1) correspondant à la région <i>eryG-eryAIII</i> du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine et la séquence d'ADN isolée représentée à la figure 3 (SEQ ID No. 6) correspondant à la région <i>eryAI-eryK</i> du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine, et a pour objet la séquence d'ADN isolée représentée à la figure 22 (séquence de SEQ ID No. 15) correspondant à une région du cluster de gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine (séquence de SEQ ID No. 15).</p>		

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce	ML	Mali	TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	MN	Mongolie	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MR	Mauritanie	UA	Ukraine
BR	Bésil	IL	Israël	MW	Malawi	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MX	Mexique	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	NE	Niger	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NL	Pays-Bas	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NO	Norvège	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NZ	Nouvelle-Zélande	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	PL	Pologne		
CM	Cameroun	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CN	Chine	KZ	Kazakhstan	RO	Roumanie		
CU	Cuba	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
CZ	République tchèque	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DE	Allemagne	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
DK	Danemark	LR	Libéria	SG	Singapour		
EE	Estonie						

Gènes de biosynthèse et de transfert des 6-désoxyhexoses chez *Saccharopolyspora erythraea* et chez *Streptomyces antibioticus* et leur utilisation.

- 5 La présente invention décrit des gènes impliqués dans la biosynthèse et le transfert des 6-désoxyhexoses chez *Saccharopolyspora erythraea* et leur utilisation dans la production d'analogues de l'érythromycine par manipulation génétique.
- 10 L'érythromycine A est un antibiotique macrolide cliniquement important produit par la bactérie gram-positive *Sac. erythraea*. Les gènes de la biosynthèse de l'érythromycine sont organisés en un cluster de gènes *ery* qui inclut aussi le gène d'auto-résistance à l'érythromycine *ermE*.
- 15 Le cluster *ery* contient les trois grands gènes *eryAI*, *eryAII* et *eryAIII* (locus *eryA*) codant pour trois polypeptides composant la polykétide synthétase (dénommée PKS) flanqués par deux régions comprenant les gènes impliqués dans les stades ultérieurs de conversion du noyau lactone
- 20 (6-désoxyérythronolide B) en érythromycine A.
- Pendant le processus de biosynthèse de l'érythromycine A représenté à la figure 1, la biosynthèse des 6-désoxyhexoses comprend l'ensemble des réactions enzymatiques conduisant du glucose-1-phosphate au sucre activé final dTDP-L-mycarose ou
- 25 dTDP-D-désosamine. Le dTDP-L-mycarose ou la dTDP-D-désosamine ainsi produits sont ensuite utilisés comme substrats pour le transfert des deux désoxyhexoses sur le noyau lactone. La formation de l'érythromycine requiert l'attachement du mycarose via l'hydroxyle en position C-3 du noyau lactone et
- 30 l'attachement de la désosamine via l'hydroxyle en position C-5. L'ensemble des gènes *eryB* impliqués dans la biosynthèse ou le transfert du mycarose et l'ensemble des gènes *eryC* impliqués dans la biosynthèse ou le transfert de la désosamine n'ont pas encore été clairement identifiés.
- 35 Le cluster *ery* d'une longueur de 56 kb comprend 21 phases ouvertes de lecture ou "open reading frames" (ORFs) dont la numérotation a été établie par Haydock et al. (1991) et Donadio et al. (1993). Le locus *eryA* comprend les ORFs 10,

11 et 12.

Des travaux précoces d'interruption ou de remplacement de gène dans la partie gauche du cluster *ery* a permis une première identification du gène *eryCI* (ORF1) (Dhillon et al., 1989), puis du gène *eryBI* (ORF2), du locus *eryH* (ORFs 3, 4 et 5) dont l'inactivation conduit à la production de 6-désoxyérythronolide B, d'un locus *eryBII* (ORFs 7 et 8) et le gène *eryCII* (Weber et al., 1990).

Parmi les activités enzymatiques impliquées dans les modifications ultérieures du noyau lactone ont été identifiées le gène *eryF* (ORF4) responsable de l'hydroxylation en C6 (Weber et al., 1991) et le gène *eryK* (ORF20) responsable de l'hydroxylation en C12 (Stassi et al., 1993). D'autre part, le gène *eryG* (ORF6) responsable de la 15 O-méthylation du mycarose en cladinosé (position 3"OH) a été identifié (Weber et al., 1989). L'érythromycine A est ainsi formée via l'érythromycine B ou l'érythromycine C à partir de l'érythromycine D selon le schéma proposé (figure 1).

La caractérisation fonctionnelle des gènes *eryB* et *eryC* situés sur la partie droite de cluster *ery* (ORFs 13 à 19) n'a pas encore été établie de façon précise, malgré les informations parcellaires communiquées dans différents articles de revues (Donadio et al., 1993 ; Liu et Thorson, 1994 ; Katz et Donadio, 1995).

25 En raison de l'intérêt commercial des antibiotiques macrolides, l'obtention de nouveaux dérivés, notamment l'obtention d'analogues de l'érythromycine ayant des propriétés avantageuses, est intensivement recherchée. Les modifications peuvent être désirées dans la partie aglycone 30 (macrolactone) ou/et dans son hydroxylation secondaire ainsi que dans la partie sucre (cladinosé et/ou désosamine) de l'érythromycine.

Les méthodes courantes telles que les modifications chimiques sont difficiles et limitées vis-à-vis du type de 35 produit que l'on peut obtenir à partir de l'érythromycine. Par exemple, Sakakibara et al. (1984) passent en revue des modifications chimiques réalisées à partir de l'érythromycine A ou B, aussi bien dans la partie sucre que dans la macro-

lactone.

Des modifications de la macrolactone de l'érythromycine A par manipulation génétique du microorganisme *Sac. erythraea* ont été décrites dans la demande de brevet internationale 5 WO 93/13663 ainsi que l'obtention de nouvelles molécules polykétides par altérations génétiques spécifiques du locus *eryA* du chromosome codant pour la PKS. Par exemple la 7-hydroxyérythromycine A, la 6-désoxy-7-hydroxyérythromycine A ou le 3-oxo-3-désoxy-5-désoaminyl-érythronolide A ont été 10 ainsi obtenus.

La présente invention concerne la caractérisation fonctionnelle de dix gènes de *Sac. erythraea* impliqués dans la biosynthèse ou l'attachement du mycarose et de la désosamine (*eryBII*, *eryCIII* et *eryCII* situés en aval du locus *eryA* 15 et *eryBIV*, *eryBV*, *eryCVI*, *eryBVI*, *eryCIV*, *eryCV* et *eryBVII* situés en amont), leur utilisation dans la production d'analogues de l'érythromycine ainsi qu'un procédé de préparation de ceux-ci.

La présente invention a donc pour objet une séquence 20 d'ADN simple ou double brin isolée, représentée à la figure 2 (séquence directe et complémentaire de SEQ ID N° 1) correspondant à la région *eryG-eryAIII* du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine et a particulièrement pour objet une séquence d'ADN ci-dessus comprenant :

25 - la séquence *eryBII* correspondant à l'ORF7 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046) et codant pour une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase,

- la séquence *eryCIII* correspondant à l'ORF8 (séquence 30 complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) et codant pour une désosaminyltransférase et

- la séquence *eryCII* correspondant à l'ORF9 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide 3404) et codant pour une dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose

35 3,4-isomérase.

La séquence d'ADN ci-dessus montrée à la figure 2 est une séquence d'ADN génomique qui peut être obtenue par exemple par sous-clonage de fragments de restriction d'un

fragment d'ADN génomique de *Sac. erythraea*, selon des conditions opératoires dont une description détaillée est donnée plus loin.

- L'invention a plus particulièrement pour objet une
- 5 séquence d'ADN isolée représentée à la figure 2 choisie parmi la séquence eryBII correspondant à l'ORF7 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046), la séquence eryCIII correspondant à l'ORF8 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide
- 10 2308) ou la séquence eryCII correspondant à l'ORF9 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide 3404) et les séquences qui hybrident et/ou présentent des homologies significatives avec cette séquence ou des fragments de celle-ci et ayant la même fonction.
- 15 L'invention a tout particulièrement pour objet la séquence d'ADN isolée eryCIII représentée à la figure 2 correspondant à l'ORF8 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308 = séquence complémentaire de SEQ ID N° 4) et codant pour une désosaminyl-
- 20 transférase.

La séquence eryBII correspondant à l'ORF7 code pour un polypeptide ayant 333 acides aminés (séquence de SEQ ID N° 2), la séquence eryCIII correspondant à l'ORF8 code pour un polypeptide ayant 421 acides aminés (séquence de SEQ ID

25 N° 5) et la séquence eryCII correspondant à l'ORF9 code pour un polypeptide ayant 361 acides aminés (séquence de SEQ ID N° 3).

La mise en évidence des activités enzymatiques respectives indiquées ci-dessus a été réalisée par introduction d'une

30 délétion interne au gène correspondant telle qu'illustrée plus loin dans la partie expérimentale.

Par séquences qui hybrident et ayant la même fonction, on inclut les séquences d'ADN qui hybrident avec l'une des séquences d'ADN ci-dessus sous des conditions standards de

35 stringence élevée ou moyenne décrites par Sambrook et al. (1989) et qui codent pour une protéine ayant la même fonction enzymatique. Par même fonction enzymatique, on entend une activité enzymatique donnée sur des substrats de même nature,

par exemple un dTDP-6-désoxyhexose ou une macrolactone nue ou glycosylée. Les conditions de forte stringence comprennent par exemple une hybridation à 65°C pendant 18 heures dans une solution 5 x SSPE, 10 x Denhardt, 100 µg/ml DNass, 1 % SDS
5 suivie de 2 lavages pendant 20 minutes avec une solution 2 x SSC, 0,05 % SDS à 65°C suivis d'un dernier lavage pendant 45 minutes dans une solution 0,1 x SSC, 0,1 % SDS à 65°C. Les conditions de stringence moyenne comprennent par exemple un dernier lavage pendant 20 minutes dans une solution 0,2 x
10 SSC, 0,1 % SDS à 65°C.

Par séquences qui présentent des homologies significatives et ayant la même fonction, on inclut les séquences ayant une identité de séquence nucléotidique d'au moins 60 % avec l'une des séquences ADN ci-dessus et qui codent pour une
15 protéine ayant la même fonction enzymatique.

L'invention a aussi pour objet un polypeptide codé par l'une des séquences d'ADN ci-dessus et a spécialement pour objet un polypeptide correspondant à une ORF représentée à la figure 2, choisie parmi l'ORF7 (ayant la séquence de SEQ ID
20 N° 2), l'ORF8 (ayant la séquence de SEQ ID N° 5) ou l'ORF9 (ayant la séquence de SEQ ID N° 3) et les analogues de ce polypeptide.

Par analogues, on inclut les peptides ayant une séquence en acides aminés modifiée par substitution, délétion ou
25 addition d'un ou plusieurs acides aminés pour autant que ces produits conservent la même fonction enzymatique. Les séquences modifiées peuvent être par exemple préparées en utilisant la technique de mutagenèse dirigée connue de l'homme du métier.

30 L'invention a plus spécialement pour objet le polypeptide correspondant à l'ORF 8 représentée à la figure 2 (ayant la séquence de SEQ ID N° 5) et ayant une activité désosaminyltransférase, dénommé EryCIII.

L'invention décrit une protéine recombinante EryCIII de
35 *Sac. erythraea* obtenue par expression dans une cellule hôte selon les méthodes connues de génie génétique et de culture cellulaire.

L'obtention de la protéine recombinante purifiée a

permis de confirmer la caractérisation de la fonction glycosyltransférase associée au produit du gène *eryCIII* dans un test *in vitro* qui met en évidence le transfert du sucre activé dTDP-D-désosamine sur le noyau lactone.

- 5 L'invention a aussi pour objet la thymidine 5'-(tri-hydrogène diphosphate), P'-[3,4,6-tridésoxy-3-(diméthylamino)-D-.xylo.-hexopyranosyl] ester (dTDP-D-désosamine) et les sels d'addition avec les bases, dont un exemple de préparation est décrit plus loin dans la partie expérimentale.
- 10 L'invention a aussi pour objet une séquence d'ADN isolée représentée à la figure 3 (séquence de SEQ ID N° 6) correspondant à la région *eryAI-eryK* du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine et particulièrement pour objet une séquence d'ADN ci-dessus comprenant :
- 15 - la séquence *eryBIV* correspondant à l'ORF13 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207) et codant pour une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
- la séquence *eryBV* correspondant à l'ORF14 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454) et codant pour
20 une mycarosyltransférase,
- la séquence *eryCVI* correspondant à l'ORF15 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220) et codant pour une dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
- la séquence *eryBVI* correspondant à l'ORF16 (séquence de SEQ
25 ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide 4837) et codant pour une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
- la séquence *eryCIV* correspondant à l'ORF17 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039) et codant pour une dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
30 - la séquence *eryCV* correspondant à l'ORF18 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) et codant pour une dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase et
- la séquence *eryBVII* correspondant à l'ORF19 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) et codant
35 pour une dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase.

La séquence d'ADN ci-dessus montrée à la figure 3 est une séquence d'ADN génomique qui peut être obtenue, par exemple, par sous-clonage de fragments de restriction de

cosmides contenant une banque d'ADN génomique de *Sac. erythraea*, selon des conditions opératoires dont une description détaillée est donnée plus loin.

L'invention a plus particulièrement pour objet une
5 séquence d'ADN isolée représentée à la figure 3 choisie parmi la séquence *eryBIV* correspondant à l'ORF13 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207), la séquence *eryBV* correspondant à l'ORF14 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454), la séquence *eryCVI*
10 correspondant à l'ORF15 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220), la séquence *eryBVI* correspondant à l'ORF16 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide 4837), la séquence *eryCIV* correspondant à l'ORF17 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide
15 6039), la séquence *eryCV* correspondant à l'ORF18 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) ou la séquence *eryBVII* correspondant à l'ORF19 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) et les séquences qui hybrident et/ou présentent des homologies significatives
20 avec cette séquence ou des fragments de celle-ci et ayant la même fonction.

L'invention a tout particulièrement pour objet la séquence d'ADN isolée *eryBV* représentée à la figure 3 correspondant à l'ORF14 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454) et codant pour une mycarosyl-transférase.

La séquence *eryBIV* correspondant à l'ORF13 code pour un polypeptide ayant 322 acides aminés (SEQ ID N° 7), la séquence *eryBV* correspondant à l'ORF14 code pour un polypeptide ayant 415 acides aminés (SEQ ID N° 8), la séquence
30 *eryCVI* correspondant à l'ORF15 code pour un polypeptide ayant 237 acides aminés (SEQ ID N° 9), la séquence *eryBVI* correspondant à l'ORF16 code pour un polypeptide ayant 510 acides aminés (SEQ ID N° 10), la séquence *eryCIV* correspondant à
35 l'ORF17 code pour un polypeptide ayant 401 acides aminés (SEQ ID N° 14), la séquence *eryCV* correspondant à l'ORF18 code pour un polypeptide ayant 489 acides aminés (SEQ ID N° 11) et la séquence *eryBVII* correspondant à l'ORF19 code pour un

polypeptide ayant 193 acides aminés (SEQ ID N° 12).

La mise en évidence des activités enzymatiques respectives indiquées ci-dessus a été réalisée par introduction d'une délétion interne au gène correspondant telle
5 qu'illustrée plus loin dans la partie expérimentale.

Les séquences d'ADN qui hybrident ainsi que les séquences d'ADN qui présentent des homologies significatives et ayant la même fonction ont la même signification que celle indiquée précédemment.

10 L'invention a aussi pour objet un polypeptide codé par l'une des séquences d'ADN ci-dessus et a spécialement pour objet un polypeptide correspondant à une ORF représentée à la figure 3, choisie parmi l'ORF13 (ayant la séquence de SEQ ID N° 7), l'ORF14 (ayant la séquence de SEQ ID N° 8), l'ORF15
15 (ayant la séquence de SEQ ID N° 9), l'ORF16 (ayant la séquence de SEQ ID N° 10), l'ORF17 (ayant la séquence de SEQ ID N° 14), l'ORF18 (ayant la séquence de SEQ ID N° 11) ou l'ORF19 (ayant la séquence de SEQ ID N° 12) et les analogues de ce peptide.

20 Les analogues du polypeptide ont la même signification que celle indiquée précédemment.

L'invention a plus spécialement pour objet le polypeptide correspondant à l'ORF14 représentée à la figure 3 (ayant la séquence de SEQ ID N° 8) et ayant une activité
25 mycarosyltransférase, dénommé EryBV.

La connaissance de chaque séquence d'ADN *eryB* ou *eryC* de l'invention indiquée ci-dessus et montrée à la figure 2 ou à la figure 3 permet de reproduire la présente invention par exemple par des méthodes connues de synthèse chimique ou par
30 criblage d'une banque génomique à l'aide de sondes d'oligonucléotides de synthèse par les techniques connues d'hybridation ou par amplification par PCR.

Les polypeptides de l'invention peuvent être obtenus par les méthodes connues, par exemple par synthèse chimique ou
35 par la méthodologie de l'ADN recombinant par expression dans une cellule hôte procaryote ou eucaryote.

Un autre objet de l'invention concerne l'utilisation d'au moins l'une des séquences d'ADN choisie parmi les

séquences eryBII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046), eryCIII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) ou eryCII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide 3404) représentées à la figure 2, eryBIV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207), eryBV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454), eryCVI (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220), eryBVI (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide 4837), eryCIV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039), eryCV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) ou eryBVII (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) représentées à la figure 3, pour synthétiser des métabolites secondaires hybrides chez *Sac. erythraea*.

Par métabolites secondaires hybrides, on entend soit des analogues de l'érythromycine, c'est-à-dire des dérivés de l'érythromycine ayant une ou plusieurs modifications portant sur la partie sucre et possédant une activité antibiotique, soit des précurseurs de l'érythromycine tels que le 6-désoxyérythronolide B ou l'érythronolide B auxquels sont attachés un ou plusieurs résidus sucre modifiés ou non et ne possédant pas d'activité antibiotique. Le résidu sucre modifié peut être par exemple, le 4-céto-L-mycarose.

La synthèse de métabolites secondaires hybrides chez *Sac. erythraea* par utilisation de séquences d'ADN eryB ou eryC de l'invention peut être réalisée par exemple, par l'inactivation d'un ou plusieurs gènes eryB ou eryC ci-dessus et l'introduction d'un ou plusieurs gènes exogènes ou de leurs dérivés obtenus par exemple par mutagénèse, ayant des séquences nucléotidiques codant pour des enzymes ayant la même fonction chez des souches productrices d'autres macrolides, par exemple la tylosine, la picromycine ou la méthymycine. En particulier, l'introduction de gènes exogènes peut être effectuée par intégration d'une séquence d'ADN obtenue selon la méthodologie du "DNA shuffling" (Stemmer, 1994) ou par la construction d'une séquence d'ADN chimère, par

exemple à partir d'une séquence *eryB* ou *eryC* de l'invention intervenant dans le transfert d'un résidu sucre, par exemple la séquence *eryCIII* ou *eryBV*, et de gènes homologues isolés à partir de souches productrices de macrolides, par exemple 5 *Streptomyces fradiae*, *Streptomyces olivaceus*, *Streptomyces venezuelae* ou *Streptomyces antibioticus*.

L'invention concerne aussi l'utilisation d'au moins l'une des séquences d'ADN choisie parmi les séquences *eryBII* (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au 10 nucléotide 1046), *eryCIII* (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) ou *eryCII* (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide 3404) représentées à la figure 2, *eryBIV* (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207), *eryBV* 15 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454), *eryCVI* (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220), *eryBVI* (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide 4837), *eryCIV* (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039), *eryCV* 20 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) ou *eryBVII* (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) représentée à la figure 3 ou d'un fragment de cette séquence, comme sondes d'hybridation.

Les séquences d'ADN *eryB* ou *eryC* de l'invention peuvent 25 être utilisées pour constituer des sondes d'hybridation d'au moins 19 nucléotides, permettant d'isoler des gènes homologues dans des souches productrices de macrolides en utilisant les méthodes classiques d'hybridation d'acides nucléiques immobilisées sur des filtres ou d'amplification 30 par PCR, selon les conditions décrites par Sambrook et al. (1989).

L'invention concerne particulièrement l'utilisation de la séquence d'ADN *eryCIII* représentée à la figure 2 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléo- 35 tide 2308 = séquence complémentaire de SEQ ID N° 4) comme sonde d'hybridation pour isoler des gènes homologues responsables de la glycosylation de la macrolactone chez une souche productrice de macrolide.

L'invention concerne plus particulièrement l'utilisation ci-dessus, dans laquelle les gènes homologues sont les gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine chez *S. antibioticus*.

L'invention décrit, à titre d'exemple, l'utilisation de
5 la séquence du gène *eryCIII* comme sonde d'hybridation pour isoler des gènes homologues dans une souche productrice d'oléandomycine. La sonde *eryCIII* utilisée a permis d'isoler les gènes *oleG1* et *oleG2* codant pour des glycosyltransférases chez *S. antibioticus* impliquées dans le transfert de la
10 désosamine et de l'oléandrose sur le noyau lactone.

La caractérisation fonctionnelle des gènes *oleG1* et *oleG2* a permis de définir l'organisation de la partie droite du cluster des gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine chez *S. antibioticus*.

15 L'invention a donc pour objet une séquence d'ADN isolée représentée à la figure 22 (séquence de SEQ ID N° 15) correspondant à une région du cluster de gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine comprenant :

- la séquence correspondant à l'ORF *oleP1* du nucléotide 184
20 au nucléotide 1386,
- la séquence correspondant à l'ORF *oleG1* du nucléotide 1437 au nucléotide 2714 codant pour une activité glycosyltransférase,
- la séquence correspondant à l'ORF *oleG2* du nucléotide 2722
25 au nucléotide 3999 codant pour une activité glycosyltransférase,
- la séquence correspondant à l'ORF *oleM* du nucléotide 3992 au nucléotide 4720 (= séquence de SEQ ID N° 20) et
- la séquence correspondant à l'ORF *oleY* du nucléotide 4810
30 au nucléotide 5967.

La séquence d'ADN ci-dessus montrée à la figure 22 (séquence de SEQ ID N° 15) est une séquence d'ADN génomique qui peut être obtenue par exemple à partir d'un cosmide couvrant la partie droite du cluster de gènes de la biosyn-
35 thèse de l'oléandomycine par hybridation avec une sonde *eryCIII*, selon les conditions opératoires dont une description détaillée est donnée plus loin.

L'invention a plus particulièrement pour objet une

séquence d'ADN isolée représentée à la figure 22 choisie parmi la séquence correspondant à l'ORF *oleG1* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714 codant pour une activité glycosyltransférase et la séquence
5 correspondant à l'ORF *oleG2* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 2722 au nucléotide 3999) codant pour une activité glycosyltransférase.

L'invention a tout particulièrement pour objet une séquence d'ADN isolée ci-dessus correspondant à l'ORF *oleG1*
10 (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714) codant pour une activité désosaminyltransférase, ainsi qu'une séquence d'ADN isolée ci-dessus correspondant à l'ORF *oleG2* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 2722 au nucléotide 3999) codant pour une activité oléandrosyl-
15 transférase.

La séquence correspondant à l'ORF *oleG1* code pour un polypeptide ayant 426 acides aminés (séquence de SEQ ID N° 17) et la séquence correspondant à l'ORF *oleG2* code pour un polypeptide ayant 426 acides aminés (séquence de SEQ ID
20 N° 18).

La mise en évidence des activités enzymatiques respectives indiquées ci-dessus a été réalisée par altération du gène correspondant telle qu'illustrée plus loin dans la partie expérimentale.

L'invention a aussi pour objet le polypeptide codé par la séquence d'ADN correspondant à l'ORF *oleG1* et ayant une activité désosaminyltransférase (séquence de SEQ ID N° 17) et le polypeptide codé par la séquence d'ADN correspondant à l'ORF *oleG2* et ayant une activité oléandrosyltransférase
30 (séquence de SEQ ID N° 18).

Les polypeptides ci-dessus dénommés respectivement *OleG1* et *OleG2* peuvent être obtenus par les méthodes connues indiquées ci-dessus.

L'invention a aussi pour objet un procédé de préparation
35 de métabolites secondaires hybrides chez *Sac. erythraea* dans lequel :

- on isole une séquence ADN contenant au moins une séquence *eryB* ou une séquence *eryC* du cluster de gènes de la bio-

- synthèse de l'érythromycine représentée à la figure 2 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1) ou à la figure 3 (séquence de SEQ ID N°6),
- on crée une modification dans la dite séquence et on
- 5 obtient une séquence altérée,
- on intègre la séquence altérée dans le chromosome de la souche hôte et on obtient une souche modifiée,
 - on cultive la souche modifiée dans des conditions permettant la formation du métabolite secondaire hybride et
- 10 - on isole le métabolite secondaire hybride.

La modification de la séquence d'ADN peut être réalisée par exemple par une addition et/ou par une délétion de séquences d'ADN d'au moins un nucléotide, dans une séquence *eryB* ou *eryC* de l'invention qui code pour l'une des enzymes

15 correspondantes indiquées ci-dessus.

L'intégration de la séquence altérée dans la souche hôte peut être réalisée par exemple par la méthodologie de la recombinaison homologue qui peut être effectuée selon le schéma montré à la figure 4 et conduit à la génération de

20 mutants chromosomiques de souches *Sac. erythraea* que l'on cultive ensuite selon les méthodes générales connues de culture cellulaire.

L'invention a particulièrement pour objet le procédé ci-dessus dans lequel la séquence ADN code pour l'une des

25 enzymes choisie parmi une

- dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 2,3-réductase,
 - désosaminyltransférase,
 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase,
 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
- 30 - mycarosyltransférase,
- dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
 - dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase ou
- 35 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase.

L'invention a plus particulièrement pour objet le procédé ci-dessus dans lequel l'altération de la séquence résulte dans l'inactivation d'au moins l'une des enzymes

indiquées ci-dessus.

L'inactivation d'au moins l'une des enzymes est mise en évidence, d'une part par l'absence de production d'érythromycine, d'autre part par l'accumulation de précurseurs de l'érythromycine tels que le 6-désoxyérythronolide B, l'érythronolide B ou le 3- α -mycarosyl érythronolide B et/ou l'accumulation de métabolites secondaires hybrides tels que définis précédemment dans les surnageants de cultures des souches modifiées correspondantes.

- 10 L'invention concerne tout particulièrement le procédé ci-dessus dans lequel l'enzyme inactivée est une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase ou dans lequel l'enzyme inactivée est une dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase ou dans lequel l'enzyme inactivée est une mycarosyltransférase
15 ou dans lequel l'enzyme inactivée est une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase.

L'invention concerne aussi le procédé ci-dessus dans lequel le métabolite secondaire hybride isolé est un analogue de l'érythromycine choisi parmi la 4"-céto-érythromycine, la
20 4'-hydroxy-érythromycine ou la 3"-C désméthyl-2",3"-ène-érythromycine ou dans lequel le métabolite secondaire hybride isolé est le désosaminyl érythronolide B.

Des exemples de mise en oeuvre du procédé de l'invention sont donnés dans la partie expérimentale. L'accumulation de
25 métabolites secondaires hybrides dans des souches de *Sac. erythraea* modifiées est également décrite plus loin.

L'invention concerne aussi une souche de *Sac. erythraea* modifiée dans laquelle au moins l'une des enzymes choisie parmi une

- 30 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase,
- désosaminyltransférase,
- dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase,
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
- mycarosyltransférase,
35 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
- dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
- dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase ou

- dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase
est inactivée et produisant au moins un métabolite secondaire
hybride.

L'invention concerne particulièrement la souche de *Sac.*
5 *erythraea* modifiée BII92 dans laquelle une dTDP-4-céto-L-6-
désoxyhexose 2,3-réductase est inactivée et produisant la
3"-C désméthyl-2",3"-ène-érythromycine C, la souche de *Sac.*
erythraea modifiée BIV87 dans laquelle une dTDP-4-céto-L-6-
désoxyhexose 4-réductase est inactivée et produisant la 4"-
10 céto-érythromycine, la souche de *Sac. erythraea* modifiée
CIV89 dans laquelle une dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydra-
tase est inactivée et produisant la 4'-hydroxyérythromycine D
ainsi que la souche de *Sac. erythraea* modifiée BV88 dans
laquelle une mycarosyltransférase est inactivée et produisant
15 du désaoaminyl érythronolide B. Des constructions détaillées
des souches ci-dessus sont données plus loin dans la partie
expérimentale.

L'invention concerne aussi un procédé de préparation de
précurseurs de l'oléandomycine chez *S. antibioticus* dans
20 lequel
- on crée une altération de la séquence du gène choisie parmi
la séquence d'ADN correspondant à l'ORF *oleG1* (séquence de
SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714)
et la séquence d'ADN correspondant à l'ORF *oleG2* (séquence
25 de SEQ ID N° 15 du nucléotide 2722 au nucléotide 3999) dans
le chromosome d'une souche hôte et obtient une souche
modifiée,
- on cultive la souche modifiée dans des conditions
permettant l'accumulation des précurseurs de l'oléandomycine
30 et
- on isole ces précurseurs.

L'altération de la séquence d'ADN peut être réalisée par
exemple par interruption du gène cible dans la souche
S. antibioticus, par exemple par intégration d'un plasmide
35 par la méthodologie de la recombinaison homologue et conduit
à la génération de mutants chromosomiques de la souche
sauvage.

L'invention concerne particulièrement un procédé ci-

dessus dans lequel l'altération est créée dans la séquence d'ADN correspondant à l'ORF *oleG1* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714) et dont il résulte au moins l'élimination de l'activité désométhyltransférase et
5 l'accumulation du précurseur de l'oléandomycine 8,8a-désoxyoléandolide.

L'accumulation d'un précurseur non glycosylé de l'oléandomycine 8,8a-désoxyoléandolide observée par interruption du gène *oleG1* est due à un effet polaire transcriptionnel inactivant le gène *oleG2*.

Un exemple de mise en oeuvre du procédé ci-dessus est donné plus loin dans la partie expérimentale.

Matériels et méthodes générales.

- 15 1. Souches bactériennes, plasmides et conditions de croissance.

La souche *Sac. erythraea* utilisée pour la réalisation de l'invention est un variant phénotypique spontané dit "red variant" (Hessler et al., 1997) de la souche sauvage

- 20 *Sac. erythraea* NRRL 2338 dont la croissance est effectuée en routine soit sur milieu solide R2T2 (milieu R2T décrit par Weber et al., 1985 sans peptone), R2T20 (Yamamoto et al., 1986) ou M1-102 sur agar (Kaneda et al., 1962), soit en milieu liquide TSB (Oxoid) à 30°C.

- 25 La souche *Streptomyces lividans* 1326 (John Innes Culture Collection) décrite par Hopwood et al. (1983), utilisée pour la préparation de plasmides dépourvus d'origine de répllication d'*Escherichia coli* tels que pIJ702 et pIJ486, a été maintenue sur milieu solide R2YE(R5) (Hopwood et al., 1985).

- 30 La croissance des souches *E. coli* XL1-blue (Stratagene), JM110 (Stratagene) et DH5 α .MCR (GibcoBRL), utilisées pour les préparations de plasmides, a été effectuée en routine en milieu liquide 2 x YT ou LB ou en milieu solide LB sur agar, tels que décrits par Sambrook et al. (1989). La souche

- 35 *E. coli* XL1-blue est utilisée pour les clonages en routine. La souche JM110 est utilisée pour des clonages où l'on utilise des sites de restriction tels que *BclI*. La souche DH5 α .MCR est utilisée pour la préparation de plasmides

destinés à être introduits chez *Sac. erythraea* pour une transformation optimale.

La sélection des plasmides dans *E. coli* a été effectuée sur ampicilline (Sigma) à 100 µg/ml.

- 5 Les souches *Bacillus subtilis* ATCC 6633 ou *Bacillus pumilus* ATCC 14884 ont été utilisées comme souches indicatrices pour évaluer la production d'érythromycine dans des essais biologiques par antibiogramme.

- Les plasmides Litmus28, pUC18 et pUC19 (New England Biolabs) ont été utilisés en routine pour les sous-clonages. Le vecteur pIJ702 (Katz et al., 1983) a été obtenu du John Innes Institute. Le vecteur pIJ486 (Ward et al., 1986) a été obtenu de C.J. Thompson (Université de Bâle, Suisse). Le phagmide pTZ18R a été obtenu de Pharmacia Biotech. Le vecteur 15 navette coli-streptomyces pUWL218 (Wehmeier, 1995) utilisé pour l'intégration chromosomique dans *Sac. erythraea* a été obtenu de W.Piepersberg (Université de Wuppertal, Allemagne).
2. Manipulation de l'ADN et séquençage.

- Les méthodes générales de biologie moléculaire utilisées 20 sont décrites par Sambrook et al., 1989.

- Les réactifs d'origine commerciale ont été utilisés incluant les enzymes de restriction (New England Biolabs et Boehringer Mannheim), le fragment de Klenow de l'ADN 25 polymerase I (Boehringer Mannheim). La trousse "DNA ligation system" (Amersham) a été utilisée pour effectuer les ligations et la trousse Plasmid Midi kit (Quiagen) ou RPM kit (Bio101 Inc.) pour purifier l'ADN plasmidique.

- La préparation de l'ADN du bactériophage λ a été réalisée selon Ausubel et al. (1995) et l'isolement de l'ADN 30 chromosomique de *Sac. erythraea* selon Hopwood et al. (1985).

La transformation de *S. lividans* et l'isolement des plasmides ont été effectués selon Hopwood et al. (1985).

3. Préparation de l'érythronolide B et du 3-α-mycarosyl érythronolide B.

- 35 L'érythronolide B et le 3-α-mycarosyl érythronolide B ont été purifiés à partir d'extraits de culture du mutant eryCI (clone WHB2221 décrit par Dhillon et al., 1989) par chromatographie sur gel d'aminopropyl (LichroprepNH2 25-40 µ,

- Merck) avec un gradient d'élution par des mélanges chlorure de butyle/chlorure de méthylène successifs (100:0, 80:20, 50:50 et 20:80) suivi d'un gradient d'élution linéaire par le mélange chlorure de butyle/méthanol variant de 99:1 à 90:10.
- 5 Les fractions contenant les produits attendus sont amenées à sec sous vide puis analysées par chromatographie en couche mince (ccm). L'érythronolide B est ensuite cristallisé dans un mélange acétate d'éthyle/hexane puis recristallisé dans l'éthanol. Le 3- α -mycarosyl érythronolide B est cristallisé
- 10 deux fois dans un mélange acétate d'éthyle/hexane.

Milieux cités.

1. R2T2 :

- Pour 1 litre de solution aqueuse : sucrose 103 g ; K_2SO_4 0,25g ; extrait de levure 6,5 g ; tryptone 5,0 g ; bactoagar
- 15 22,0 g ; eau distillée qsp 860 ml. La solution est stérilisée par autoclavage pendant 30 minutes à 120°C. Au moment de l'utilisation, les solutions stériles suivantes sont ajoutées : 20 ml de glucose à 50 % ; 25 ml de Tris-HCl 1M, pH7,0 ; 5 ml de KH_2PO_4 à 0,5 % ; 2,5 ml de NaOH 1N ; 50 ml
- 20 de $CaCl_2$ 1M ; 50 ml de $MgCl_2 \cdot 6H_2O$ 1M et 2 ml de solution de "trace elements" (Hopwood et al., 1985).

2. R2T20 :

Pour un litre de solution aqueuse : milieu R2T2 contenant 206 g de sucrose.

25 3. M1-102 (Kaneda et al., 1962) :

- Pour 1 litre de solution aqueuse : glucose 5 g ; sucre brun commercial 10 g ; tryptone 5 g ; extrait de levure 2,5 g ; Versène 36 mg ; eau courante 1000 ml ; pH final ajusté à 7,0 à 7,2 avec KOH. La solution est stérilisée par autoclavage
- 30 pendant 30 minutes à 120°C.

4. R2YE(R5) (Hopwood et al., 1985) :

- Pour 1 litre de solution aqueuse : sucrose 103 g ; K_2SO_4 0,25 g ; $MgCl_2 \cdot 6H_2O$ 10,12 g ; casaminoacides 0,1 g ; solution de "trace elements" 2 ml ; extrait de levure 5 g ; TES
- 35 5,72 g ; bactoagar 15 g ; eau distillée qsp 940 ml. La solution est stérilisée par autoclavage pendant 30 minutes à 120°C. Au moment de l'utilisation, les solutions stériles suivantes sont ajoutées : 10 ml de KH_2PO_4 0,5 % ; 20 ml de

CaCl_2 1M ; 15 ml de L-proline à 20 % ; 20 ml de glucose à 50 % et 1 ml de CuCl_2 10mM.

5. 2 x TY :

Pour 1 litre de solution aqueuse : tryptone 10 g ; extrait de 5 levure 10 g ; NaCl 5 g.

6. Tampon PT :

Pour 1 litre de solution aqueuse : sucrose 100 g ; K_2SO_4 0,25 g ; $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 5,1 g ; solution de "trace elements" 2 ml ; eau distillée qsp 875 ml. La solution est stérilisée 10 par autoclavage pendant 30 minutes à 120°C. Au moment de l'utilisation, les solutions stériles suivantes sont ajoutées : 5 ml de CaCl_2 et 20 ml de TES 5,3 %.

7. Sucrose-succinate (Caffrey et al., 1992) :

Pour 1 litre de solution aqueuse : sucrose 0,2 M ; acide 15 succinique 20 mM ; phosphate de potassium 20 mM (pH 6,6) ; sulfate de magnésium 5 mM ; nitrate de potassium 100 mM ; solution de "trace elements" 2 ml. La solution est stérilisée par autoclavage pendant 30 minutes à 120°C.

Les figures ci-annexées illustrent certains aspects de 20 l'invention.

La figure 1 représente la voie de biosynthèse de l'érythromycine A.

La figure 2 représente la séquence nucléotidique (séquence directe et complémentaire de SEQ ID N° 1) de la 25 région *eryG-eryAIII* du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine comprenant les ORFs 7, 8 et 9 et leurs séquences protéiques déduites.

La figure 3 représente la séquence nucléotidique (séquence de SEQ ID N° 6) de la région *eryAI-eryK* du cluster 30 de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine comprenant les ORFs 13 à 19 et leurs séquences protéiques déduites.

La figure 4 représente le schéma de substitution de gène par recombinaison homologue.

La figure 5A représente l'organisation de la partie 35 gauche du cluster des gènes de la biosynthèse de l'érythromycine chez *Sac. erythraea* dont les ORFs 1 à 9 sont indiquées par des flèches ainsi qu'une carte de restriction des plasmides pK62, pBCK1, pKB22, pBK44, pBIISB, pEco2 et pK23,

généérés à partir du clone génomique λ SE5.5. (Abréviations des enzymes de restriction : B, *Bam*HI ; Bc, *Bcl*I ; Bg, *Bgl*II ; E, *Eco*RI ; K, *Kpn*I ; M, *Mlu*I ; P, *Pst*I ; S, *Sac*I ; Sa, *Sal*I.)

- La figure 5B représente l'organisation de la partie droite du cluster des gènes de la biosynthèse de l'érythromycine chez *Sac. erythraea* dont les ORFs 13 à 21 sont indiquées par des flèches ainsi qu'une carte de restriction des plasmides pBK6-12, pCN9, pNCO28, pNB49, pNCO62, pPSP4, pNCO62X et pBAB18. (Abréviations des enzymes de restriction :
- 10 B, *Bam*HI ; Ba, *Bal*I ; Bc, *Bcl*I ; C, *Cla*I ; E, *Eco*RI ; K, *Kpn*I ; N, *Nco*I ; Ns, *Nsi*I ; P, *Pst*I ; Pv, *Pvu*II ; S, *Sac*I ; Sc, *Sca*I ; Sh, *Sph*I ; Sp, *Spe*I ; X, *Xba*I ; Xh, *Xho*I).

La figure 6A représente le schéma de construction du plasmide pBIIA.

- 15 La figure 6B représente une carte de restriction du plasmide pUWL218.

La figure 6C représente une carte de restriction du plasmide pBIIA.

- La figure 7A représente le schéma de construction du plasmide pdel188.
- 20 plasmide pdel188.

La figure 7B représente le schéma de construction du plasmide pdel188A.

La figure 7C représente le schéma de construction du plasmide pOBB.

- 25 La figure 7D représente le schéma de construction et une carte de restriction du plasmide pCIIIA.

La figure 8A représente le schéma de construction du plasmide pCIIA.

- La figure 8B représente une carte de restriction du plasmide pORT1.
- 30 plasmide pORT1.

La figure 8C représente une carte de restriction du plasmide pCIIA.

La figure 9A représente le schéma de construction du plasmide pBIVΔ.

- 35 La figure 9B représente une carte de restriction du plasmide pBIVΔ.

La figure 10A représente le schéma de construction du plasmide pBVΔ.

La figure 10B représente une carte de restriction du plasmide pBVΔ.

La figure 11A représente le schéma de construction du plasmide pPSTI.

5 La figure 11B représente une carte de restriction du plasmide pPSTI.

La figure 12A représente le schéma de construction du plasmide pXhoI.

10 La figure 12B représente une carte de restriction du plasmide pXhoI.

La figure 13A représente le schéma de construction du plasmide pCIVΔ.

La figure 13B représente une carte de restriction du plasmide pCIVΔ.

15 La figure 14A représente le schéma de construction du plasmide pCVΔ.

La figure 14B représente une carte de restriction du plasmide pCVΔ.

La figure 15 représente l'analyse par Southern blot des
20 souches mutantes BII92, CIII68, CII62, BIV87, BV88, CIV89 et CV90, comparativement à la souche sauvage "red variant" notée Wt. Pour chaque mutant, l'enzyme de restriction utilisée est indiquée en-dessous de chaque blot et la taille des bandes détectées devant chaque blot est estimée par rapport aux
25 marqueurs de poids moléculaire λ-HindIII et λ-BstEII (non détectables par auto-radiographie).

La figure 16 représente l'analyse par PCR des souches mutantes BII91, CIII68, CII62, BIV87, BV88, CIV89 et CV90, comparativement à la souche sauvage "red variant" notée Wt et
30 aux plasmides pBIIΔ, pCIIIΔ, pCIIΔ, pBIVΔ, pBVΔ, pCIVΔ et pCVΔ utilisés respectivement pour obtenir le mutant par recombinaison homologue. Les tailles des bandes détectées par coloration au bromure d'éthidium sont estimées par rapport aux marqueurs de poids moléculaire φX174-HaeIII ou λ-BstEII.

35 La figure 17 représente l'analyse par CCM des métabolites produits par les souches mutantes BII92, CIII68, CII62, BIV87, BV88, CIV89 et CV90, comparativement aux produits standards érythromycine A (Er A), érythronolide B (EB) et

3- α -mycarosyl érythronolide B (MEB).

La figure 18 représente l'analyse par SDS-PAGE de la purification de la protéine EryCIII successivement après extraction à l'urée 7M (ligne 2), chromatographie Q Sépharose (ligne 3), chromatographie Superdex (ligne 4), chromatographie Q source (ligne 6) avec des marqueurs standard de poids moléculaire (lignes 1 et 5);

La figure 19 représente l'analyse par CMM du test d'activité biologique de la protéine EryCIII, par incubation avec d-TDP-D-désosamine (ligne 2) ou avec d-TDP-D-désosamine et 3- α -mycarosyl érythronolide B (MEB) (ligne 3) comparativement au contrôle MEB (ligne 1) et au contrôle érythromycine A (ligne 4). Les pointillés marquent les zones montrant une activité antibiotique par autobiogramme sur *B. pumilus*.

La figure 20 représente la localisation des six cosmides (cosAB35, cosAB76, cosAB87, cosAB67, cosAB63 et cosAB61) couvrant l'ensemble du cluster des gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine. Les fragments de restriction BamHI (noté B) hybridant avec les sondes notées str M, D, E et les fragments BamHI (3,5 kb et 2,7 kb) hybridant avec la sonde eryCIII sont montrés.

La figure 21 représente l'organisation de la partie droite du cluster des gènes de la biosynthèse de l'oléandromycine chez *S. antibioticus* dont les différentes ORFs (notées oleP1, oleG1, oleG2, oleM, oleY, oleP et oleB) sont indiquées par des flèches ainsi qu'une carte de restriction du plasmide pCO35-S et l'insert du plasmide pCO3 généré à partir du pCO35-S. La double flèche indique l'insert correspondant à la séquence de la figure 22 (abréviations des enzymes de restriction : B, BamHI ; Bg, BglII ; K, KpnI ; S, SacI ; Sh, SphI ; l'étoile indique qu'il ne s'agit pas d'un site unique).

La figure 22 représente la séquence nucléotidique (séquence de SEQ ID N° 15) de la région couvrant les gènes oleP1, oleG1, oleG2, oleM et oleY de la biosynthèse de l'oléandomycine et leurs séquences protéiques déduites.

EXEMPLE 1 : clonage et séquençage de la région eryG-eryAIII du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine.

Un fragment d'ADN génomique de *Sac. erythraea* NRRL 2338 ayant > 20 kb en aval du gène *ermE* couvrant notamment les ORFs 3 à 9 et correspondant au clone λ SE5.5 ainsi que la séquence nucléotidique d'un fragment de 4,5 kb correspondant à la région du cluster *ery* comprise entre 3,7 kb et 8,0 kb à partir de l'extrémité 3' du gène *ermE* et comprenant les ORFs 3, 4, 5 et 6 ont été décrits par Haydock et al. (1991).

En tenant compte de la carte de restriction montrée par Haydock et al. (1991), des sous-clones ont été dérivés du clone λ SE5.5 par sous-clonage de fragments de restriction dans pUC19. Les plasmides pKB22, pBK44, pBIISB et pEco2 ont été ainsi générés selon la figure 5A de la façon suivante :

A partir de l'ADN du clone λ SE5.5 digéré par l'enzyme de restriction *KpnI*, les plasmides pK62 et pK66 ont été directement construits par sous-clonage du fragment *KpnI* de 5,8 kb dans pUC19, le plasmide pK66 correspondant au même fragment *KpnI* sous-cloné avec une orientation inversée de l'insert par rapport au vecteur. Le plasmide pKB22 contenant un insert de 2,9 kb a été ensuite dérivé du plasmide pK66 par excision du fragment *BamHI-BglII* (2,9 kb) couvrant l'ORF8 ainsi qu'une partie des ORFs 7 et 9 par digestion avec les enzymes de restriction *BamHI* et *BglII*. De la même façon, le plasmide pKB44 contenant un insert de 2,9 kb a été obtenu à partir du plasmide pK62 par excision du fragment *BamHI-BglII* (2,9 kb) couvrant le gène *eryG* correspondant aux ORFs 5 et 6 et le gène *eryF* correspondant à l'ORF4.

Le plasmide pBIISB a été dérivé du plasmide pBK44 par sous-clonage dans pUC19 du fragment *SalI* de 600 pb obtenu à partir du plasmide pBK44 digéré par l'enzyme de restriction *SalI* (figure 5A).

A partir de l'ADN du clone λ SE5.5 digéré par l'enzyme de restriction *EcoRI*, le plasmide pEco2 a été directement construit par sous-clonage du fragment *EcoRI* (2,2 kb) dans pUC19.

Les sous-clones pKB22, pBK44, pBIISB et pEco2 ainsi obtenus ont été ensuite séquencés. L'analyse a été faite sur des échantillons d'ADN plasmidique, préalablement purifié sur une colonne de Quiagen 100 (Quiagen), sur le séquenceur

automatique ABI prism 377. Les réactions de séquençage ont été réalisées par la méthode de Sanger (1977) en utilisant les amorces M13 conventionnelles ou des amorces synthétiques et des didésoxynucléosides triphosphate fluorescents et la polymérase Taq FS (Perkin Elmer) en présence de 5 % de diméthylsulfoxyde, les amorces synthétiques utilisées ayant les séquences suivantes :

C3R2	TCCTCGATGGAGACCTGCC	(SEQ ID N° 22)
B2R1	GAGACCATGCCCAGGGAGT	(SEQ ID N° 23)
10 C3S2	TCTGGGAGCCGCTCACCTT	(SEQ ID N° 24)
C2R1	GACGAGGCCGAAGAGGTGG	(SEQ ID N° 25)
C2S	GCACACCGGAATGGATGCG	(SEQ ID N° 26)
fullC3S	CCGTCGAGCTCTGAGGTAA	(SEQ ID N° 27)
fullC3R	GCCCGAGCCGACGTGCGT	(SEQ ID N° 28) et
15 C4	TGCACGCGTGTGCCGACC	(SEQ ID N° 29).

L'assemblage des données de séquence a été réalisé avec le logiciel AutoassemblerTM package (Applied Biosystem). Les séquences ont été analysées en utilisant l'ensemble des logiciels GCG (Devereux 1984).

- 20 Les séquences nucléotidiques obtenues ont permis d'établir la séquence nucléotidique de 3412 bp de la figure 2 (séquence directe et complémentaire de SEQ ID N° 1) dans laquelle trois ORFs (7, 8 et 9) ont été identifiées respectivement du nucléotide 8957 au nucléotide 7959, du nucléotide 25 10219 au nucléotide 8957 et du nucléotide 11315 au nucléotide 10233 (numérotés dans la figure 2 à partir du site *Bam*HI situé à l'extrémité 5' du gène *ermE*) (respectivement séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046, du nucléotide 1046 au nucléotide 2308 et du nucléotide 30 2322 au nucléotide 3404) et correspondant respectivement aux gènes *eryBII*, *eryCIII* et *eryCII* selon Liu et Thorson (1994) dont les caractérisations fonctionnelles n'avaient pas encore été identifiées. Les trois ORFs 7, 8 et 9 ont la même orientation, la lecture se faisant à partir de la région 3'
- 35 du gène *eryAIII*.

Des échantillons de *E. coli* XL1-blue contenant la région codante des ORFs ci-dessus ont été déposés à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT

PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE,
le 16 juillet 1997 :

- le plasmide pK62 comprenant la séquence codante pour l'ORF7, l'ORF8 et une partie de l'ORF9 sous le numéro I-1897,
- 5 - le plasmide pEco2 comprenant la séquence codante pour l'ORF9 et une partie de l'ORF8 sous le numéro I-1899.

EXEMPLE 2 : construction du plasmide pBIIA.

Un plasmide d'intégration, dénommé pBIIA et portant une délétion dans le gène *eryBII* codant pour l'ORF7, a été
10 construit selon le schéma de la figure 6A.

Le fragment *BclI*-*BamHI* de 598 pb a été délété dans le plasmide pK62 obtenu à l'exemple 1 par digestion avec les enzymes *BclI* et *BamHI*. Le plasmide pBCK1 résultant a été ensuite digéré avec les enzymes de restriction *MluI* et *BglII*
15 de façon à déléter un fragment ayant 853 pb à l'intérieur de l'ORF7 du nucléotide 8011 au nucléotide 8863 de la séquence de la figure 2. Après remplissage des extrémités à l'aide du fragment de Klenow de l'ADN polymérase I, le plasmide contenant la délétion, a été religaturé et transformé dans
20 *E. coli* XL1-blue. A partir du plasmide p19BIIA ainsi généré, le fragment *KpnI*-*HindIII* (4,3 kb) qui porte la délétion a été sous-cloné dans le plasmide pUWL218 (figure 6B). La présence de la délétion de 853 pb du nucléotide 8011 au nucléotide 8863 dans le plasmide pBIIA ainsi généré (figure 6C) a été
25 confirmée par séquençage.

Le plasmide pBIIA a ensuite été transféré dans la souche *E. coli* DH5 α MRC, puis utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.

EXEMPLE 3 : construction d'une souche *Sac. erythraea ery BIIA*
30 **(BII92).**

La construction d'une souche *Sac. erythraea* dans laquelle le gène *eryBII* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide pBIIA préparé à l'exemple 2 et le processus d'intégration ont été réalisés de la façon
35 suivante :

La préparation des protoplastes a été réalisée selon la méthode décrite par Weber et Losick (1988), en utilisant du PEG 3350 (Sigma) au lieu de PEG 1000 et un tampon P modifié

(dénommé PT) contenant $MgCl_2 \cdot 6H_2O$ 28 mM et sans PO_4H_2K au lieu des tampons P, L ou T décrits, selon les conditions opératoires suivantes :

Les cellules (au moins 10^8 spores) de *Sac. erythraea* "red 5 variant" (dont un échantillon a été déposé à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE, le 16 juillet 1997 sous le numéro I-1902) ont été mises à pousser dans 50 ml de milieu TBS pendant 3 à 5 jours à 30°C, 10 puis lavées dans du sucrose à 10,3 %. Les cellules ont été remises en suspension dans 50 ml de tampon PT contenant 2 à 5 mg/ml de lysozyme (Sigma), puis incubées à 30°C pendant 1 à 2 heures en désagrégeant les amas de mycélium toutes les 15 minutes jusqu'à conversion d'au moins 50 % du mycélium en 15 protoplastes. Les protoplastes ont été lavés avec 50 ml de tampon PT, remis en suspension dans 12,5 à 25 ml du même tampon, congelés lentement puis stockés à -80°C par aliquots de 200 µl.

Pour la transformation, un aliquot a été décongelé et 20 50 µl ont été prélevés puis transférés dans un tube de 15 ml. Un à 10 µg d'ADN plasmidique pBIIA, préparé à l'exemple 2 à partir de la souche *E. coli* DH5αMRC ont été mis en solution dans 5 à 10 µl de tampon TE (Tris HCl 10 mM pH 7,5, EDTA 1 mM) puis déposés sur la paroi du tube incliné auquel a été 25 ensuite ajouté 0,5 ml d'une solution de PEG 3350 dans le tampon PT préparée extemporanément à partir d'une solution aqueuse à 50 % que l'on dilue au demi dans le tampon 2 x PT. Après dilution avec 3 à 5 ml de tampon PT puis centrifugation à 2500 rpm pendant 15 mn, le culot a été dissocié dans 0,5 ml 30 de tampon PT et la suspension de protoplastes transformés ainsi obtenue a été immédiatement répartie sur 2 ou 3 boîtes R2T2 très sèches (3 h sous une hotte à flux laminaire). Les boîtes ont été ensuite incubées à 32°C pendant 16 à 24 h jusqu'à apparition du voile de régénération des protoplastes. 35 A partir d'une solution stock de thiostrepton (Sigma) à 50 mg/ml dans le DMSO, une quantité appropriée a été diluée dans 0,5 à 1 ml d'eau puis étalée sur les boîtes de façon à obtenir une concentration finale de 20 µg de thiostrepton/ml

de gélose. Après absorption complète de l'antibiotique, les boîtes ont été incubées à 32°C pendant 3 à 4 jours, ce qui permet la visualisation des transformants. Les boîtes ont encore été incubées plusieurs jours jusqu'à développement
5 complet des spores.

La sélection des intégrants correspondant au premier événement de recombinaison (figure 4) a été réalisée par réplication des boîtes sporulées à l'aide de velours ou par étalement d'une suspension des spores sur des boîtes R2T2
10 contenant du thiostrepton puis incubation à 32°C, ce qui permet la croissance des clones d'intégrants potentiels.

Pour la sélection de clones ayant subi un deuxième événement de recombinaison (figure 4), 5 à 10 clones résistants au thiostrepton obtenus ci-dessus ont été mis en
15 culture dans 8 ml de milieu liquide TSB à 30°C pendant 3 à 4 jours. 50 à 100 µl ont été prélevés et remis en culture dans les mêmes conditions. Après 4 cycles successifs de dilution et culture destinés à favoriser la perte du marqueur de résistance au thiostrepton, des protoplastes ont été
20 préparées à partir des cellules comme indiqué ci-dessus, de façon à chasser le plasmide. Les protoplastes ont ensuite été étalés sur des boîtes R2T2 de façon à obtenir des colonies individualisées dont la sensibilité au thiostrepton a été déterminée par réplique sur des boîtes R2T2 contenant du
25 thiostrepton.

Selon la position du deuxième événement de recombinaison par rapport au site de délétion (figure 4), on peut attendre que le phénotype des colonies sensibles au thiostrepton soit du type sauvage ou du type muté porteur de la délétion.

30 Parmi les colonies sensibles au thiostrepton, la sélection des mutants ayant le phénotype ery⁻ a été réalisée par antibiogramme sur la souche *B. pumilus* ATCC 14884 sensible à l'érythromycine. La souche *B. pumilus* a été utilisée comme souche indicatrice pour évaluer la production
35 d'érythromycine dans des essais biologiques par antibiogramme. Les colonies ont été étalées à l'anse de platine sur des boîtes R2T2, puis incubées pendant 3 à 4 jours à 30°C. Des zones d'agar où le mutant a poussé à confluence ont

ensuite été prélevées à l'emporte pièce puis placées sur des boîtes A-Merck recouvertes d'une surcouche de 4 ml de 0,5 x A Merck (Antibiotic agar N°1 Merck) inoculée d'une suspension de spores de *B. pumilus*, puis incubées une nuit à 37°C.

- 5 La présence de la délétion attendue dans le chromosome du mutant (délétion de 853 pb du nucléotide 8011 au nucléotide 8863 de la figure 2) a ensuite été confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que par PCR de la façon suivante :

- 10 Pour l'analyse par Southern blot, le transfert d'ADN génomique, préalablement digéré avec l'enzyme de restriction appropriée, sur des membranes GeenscreenPlus (Dupont NEN) a été réalisé dans NaOH 0,4 M selon Ausubel et al. (1995). Les hybridations ont été effectuées en utilisant comme sonde
- 15 l'oligonucléotide marqué à son extrémité 5' en utilisant du [γ^{32} P]ATP (Amersham) et la polynucléotide kinase (Boehringer Mannheim) selon Sambroock et al. (1989), ayant la séquence suivante :

B2-S TTGGCGAAGTCGACCAAGTGC (SEQ ID N° 30)

- 20 correspondant à la région d'ADN du début du gène *eryG* située de la position 4118 à la position 4137 de la séquence déposée dans la base EMBL sous la référence X60379 et décrite par Haydock et al. (1991). Les hybridations ont été effectuées avec un tampon d'hybridation rapide (Amersham) et les
- 25 conditions de lavage suivantes : 2 x 5 mn, 2 x SSC, 20°C ; 30 mn, 2 x SSC, 65°C ; 30 mn, 0,1 x SSC, 20°C.

Par hybridation Southern sur l'ADN génomique isolé selon Hopwood et al. (1985) puis digéré par l'enzyme de restriction *KpnI*, une bande de 5,8 kb à partir de la souche sauvage "red

30 variant" et une bande de 4,9 kb à partir du mutant BII92 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure 15 indiquent la présence chez le mutant d'une délétion d'environ 900 pb dans cette région du chromosome.

- Pour l'analyse par PCR, un échantillon de 100 μ l d'une
- 35 culture de 3 jours en milieu TSB a été centrifugé. Le culot obtenu a été remis en suspension dans 10 μ l de milieu TSB, puis utilisé pour l'amplification dans l'appareil genAmp PCR system 9600 (Perkin Elmer Cetus). Après chauffage de

l'échantillon pendant 3 mn à 94°C, les conditions d'amplification suivantes ont été utilisées : 94°C, 1 mn ; 55°C, 1 mn ; 72°C, 3 mn ; 30 cycles ; polymérase Ampli Taq (Perkin Elmer) en présence de diméthylsulfoxyde 10 % (v/v) suivis d'une élongation de 3 mn à 72°C . L'amplification a été effectuée en utilisant l'oligonucléotide B2S ci-dessus et l'oligonucléotide ayant la séquence suivante
B2-R GCCGCTCGGCACGGTGAACCTCA (SEQ ID N° 31)
correspondant à la séquence du brin complémentaire de la région d'ADN située de la position 8873 à la position 8892 de la séquence de la figure 2 à laquelle ont été ajoutées trois nucléotides à l'extrémité 5' et permettant d'encadrer par amplification PCR la région portant la délétion interne à l'ORF7.

15 L'analyse par amplification par PCR sur des cellules entières a permis de détecter une bande d'environ 1 kb dans la souche sauvage et une bande de 0,16 kb dans le mutant BII92 de façon identique au signal obtenu avec le plasmide pBIIA. Les résultats montrés à la figure 16 confirment que la
20 délétion d'environ 900 pb détectée par l'analyse Southern est identique à celle portée par le plasmide pBIIA (853 pb).

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée BII92, a été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits par la souche.

25 **EXEMPLE 4 : fermentation de la souche BII92 et identification des métabolites secondaires produits.**

Des extraits de bouillon de culture de la souche ont été analysés par chromatographie en couche mince (ccm) avec l'érythromycine A, l'érythronolide B et le 3- α -mycarosyl
30 érythronolide B comme standards.

La souche BII92 a été cultivée en erlen de 50 ml dans les conditions permettant une production optimale d'érythromycine A et de ses dérivés qui consistent à effectuer une préculture cellulaire à 28°C pendant 48 heures
35 dans le milieu EP1 (Solulys L-Corn steep liquor (Roquette frères) 5 g/l ; farine de soja déshuilée (Cargill) 10 g/l ; CO₂Ca 2 g/l ; ClNa 5 g/l ; pH = 6,8 ; glucose qsp 15 g/l ajouté après autoclavage), puis une culture pendant 72 heures

après dilution à 7 % v/v avec le milieu EP2 (farine de soja déshuillée 10 g/l ; CO_3Ca 0,2 g/l ; $\text{Cl}_2\text{Co-6H}_2\text{O}$ 1 mg/l ; pH = 6,8-7,0 ; glucose qsp 20 g/l ajouté après autoclavage).

- Le surnageant de culture a été ensuite extrait à pH 9-10 5 avec de l'acétate d'éthyle. Les phases organiques ont été séchées sur SO_4Mg , amenées à sec sous pression réduite puis analysées par ccm sur gel de silice 60 F254 (Merck) [dichlorométhane/méthanol (90:10, v/v) ou éther isopropylique/méthanol/ NH_4OH à 25 % (75:35:2, v/v)]. De façon 10 alternative, l'analyse a été réalisée par ccm sur des plaques de gel de silice greffées de type NH_2 F254 (Merk) [chlorure de butyle/méthanol (90:10, v/v)].

- La révélation chimique des plaques a été effectuée par pulvérisation d'une solution de p-anisaldéhyde-acide 15 sulfurique 98 %-éthanol (1:1:9, v/v), suivie de chauffage pendant quelques minutes à 80°C. Les activités antibiotiques potentielles ont été analysées par bioautographie directe des plaques de ccm sur agar ensemencé de *B. pumilus* ATCC 14884.

- Les résultats obtenus par révélation chimique (figure 20 17) montrent que la souche BII92 accumule préférentiellement l'érythronolide B comme attendu d'un mutant eryB.

- Des métabolites mineurs de faible mobilité manifestant une activité antibiotique ont également été détectés. Ces métabolites ont été extraits à l'acétate d'éthyle et 25 identifiés par chromatographie liquide à haute performance en phase inverse (RP-HPLC) couplée à la spectrométrie de masse. La RP-HPLC a été effectuée sur colonne (250 x 4,6mm) de Kromasil C18 5 μ en utilisant comme phase mobile le mélange acétonitrile/méthanol/acétate d'ammonium 0,065 M pH 6,7 30 (350:150:500, v/v) sur un chromatographe Waters équipé d'un spectromètre de masse Finningan TSQ 7000.

- A côté de traces d'érythromycine A, B, C et D, 4 métabolites mineurs dénommés M1 à M4 ont été détectés :
- M1 donne un pic parent à m/z 704 et des produits de 35 fragmentation à m/z 576 et m/z 158. La présence de désaminy-l'érythronolide A (m/z 576) indique que la différence de m/z de 30 comparée à l'érythromycine A (m/z 734) ou de 16 comparée à l'érythromycine C (m/z 720) est portée par le résidu sucre

neutre. La structure proposée pour M1 est la 3"-C désméthyl-2",3"-ène-érythromycine C.

- M2 donne un pic parent à m/z 706 et des produits de fragmentation à m/z 576 et m/z 158. La présence de désaminyl-érythronolide A (m/z 576) indique que la différence de m/z de 28 comparée à l'érythromycine A (m/z 734) ou de 14 comparée à l'érythromycine C (m/z 720) est portée par le résidu sucre neutre. La structure proposée pour M2 est la 3"-C désméthyl-érythromycine C.
- 10 - M3 donne un pic parent à m/z 690 et des produits de fragmentation à m/z 560 et m/z 158. La présence de désaminyl-érythronolide B (m/z 560) indique que la différence de m/z de 28 comparée à l'érythromycine B (m/z 718) ou de 14 comparée à l'érythromycine D (m/z 704) est portée par le résidu sucre neutre. La structure proposée pour M3 est la 3"-C désméthyl-érythromycine D.

- M4 donne un pic parent à m/z 720 et des produits de fragmentation à m/z 576 et m/z 158. Le profil est identique à celui de l'érythromycine C (m/z 720) avec la présence de désosaminyl-érythronolide A (m/z 576) et la perte du résidu sucre aminé (m/z 158), mais le métabolite M4 n'a pas le même temps de rétention en RP-HPLC que l'érythromycine. La structure proposée pour M4 est la 3"-C désméthyl-érythromycine A.

- 25 La détection par SM-SM du métabolite mineur M1 ayant un sucre neutre insaturé (3"-C désméthyl-2",3"-ène-érythromycine C) indique que le gène *eryBII* code pour la dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase dans la voie de biosynthèse du dTDP-mycarose.
- 30 La souche BII92 a été déposée à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE, le 16 juillet 1997 sous le numéro I-1903.

EXEMPLE 5 : construction du plasmide pCIIIA.

- 35 L'ORF8 pouvant être traductionnellement couplée à l'ORF7 située en aval, une délétion en phase a été introduite de façon à éviter un effet polaire. Un plasmide d'intégration, dénommé pCIIIA porteur d'une telle délétion, a été construit

selon le schéma de la figure 7(A-D).

- Une délétion *SalI* de 663 pb a été introduite dans l'ORF8 du nucléotide 9384 au nucléotide 10046 de la séquence de la figure 2 en sous-clonant dans le plasmide pUC19 les deux fragments *SalI* (a : 794 pb et b : 631 pb montrés à la figure 5A) isolés à partir du plasmide pBK44 obtenu à l'exemple 1 pour générer le plasmide pdel88 (figure 7A). La présence de la délétion de 663 pb a été confirmée par séquençage. Le plasmide pdel88 a été ensuite soumis à deux sous-clonages additionnels de façon à élargir les régions chromosomiques utilisables pour la recombinaison homologue des deux cotés du site de délétion. Le fragment *SacI* (450 pb) du plasmide pdel88 a d'abord été remplacé par le fragment *SacI* (1,1 kb) du plasmide pEco2 obtenu à l'exemple 1 pour générer le plasmide pdel88A (figure 7B). Puis le fragment *EcoRI* (1,5 kb) portant la délétion dans l'ORF8 a été isolé du plasmide pdel88A et utilisé pour remplacer le fragment *EcoRI* (1,66 kb) porteur de l'ORF intacte dans le plasmide pOBB. Le plasmide pOBB, représenté à la figure 7C, correspond au plasmide pBK44 préparé à l'exemple 1 dans le site *PstI* duquel a été sous-cloné le fragment *PstI* de 4 kb du plasmide pIJ486 obtenu par digestion par l'enzyme de restriction *PstI* et porteur de l'origine de répllication streptomyces ainsi que du gène de résistance au thiostrepton. Le plasmide résultant pCIIIA porte des régions chromosomiques pour la recombinaison homologue de 1,27 kb et 1,38 kb respectivement en amont et en aval du site de délétion. Le plasmide pCIIIA ainsi obtenu (figure 7D) a ensuite été transféré dans la souche *E. coli* DH5 α MRC, puis utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.
- 30 **EXEMPLE 6** : construction d'une souche *Sac. erythraea eryCIIIA* (CII168).

- Une souche dans laquelle le gène *eryCIII* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide pCIIIA obtenu à l'exemple 5 a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pCIIIA.

La préparation des protoplastes, le processus d'intégration et la sélection des mutants ayant le phénotype *ery⁻* ont été réalisés comme à l'exemple 3.

De plus, la présence de la délétion attendue dans le chromosome (délétion de 663 pb du nucléotide 9384 au nucléotide 10046 de la séquence de la figure 2) a été confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que 5 par amplification par PCR selon les conditions décrites à l'exemple 3.

Par hybridation Southern sur l'ADN génomique digéré par l'enzyme de restriction *EcoRI*, en utilisant comme sonde l'oligonucléotide ayant la séquence suivante

- 10 C3-S ATGCGCGTCGTCTTCTCCTCCATG (SEQ ID N° 32)
correspondant au brin complémentaire de la région d'ADN
située de la position 10196 à la position 10219 de la
séquence de la figure 2, une bande de 2,2 kb à partir de la
souche sauvage et une bande de 1,5 kb à partir du mutant
15 CIII68 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure
15 indiquent la présence chez le mutant d'une délétion
d'environ 700 pb dans cette région du chromosome.

L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant l'oligonucléotide C3-S ci-dessus et l'oligonucléotide ayant

- 20 la séquence suivante
C3-R TCATCGTGGTTCTCTCCTTCC (SEQ ID N° 33)
correspondant à la séquence située de la position 8954 à la
position 8974 de la séquence de la figure 2 permettant
d'encadrer par amplification PCR la région portant la
25 délétion interne à l'ORF8. L'analyse par amplification par
PCR a permis de détecter une bande d'environ 1,2 kb dans la
souche sauvage et une bande d'environ 0,6 kb dans le mutant
CIII68 de façon identique au signal obtenu avec pCIIIΔ. Les
résultats montrés à la figure 16 confirment que la délétion
30 d'environ 700 pb détectée par l'analyse de Southern est
identique à celle portée par le plasmide pCIIIΔ (663 pb).

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée CIII68, a été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits par la souche.

- 35 **EXEMPLE 7 : fermentation de la souche CIII68 et identification des métabolites secondaires produits.**

La culture de la souche CIII68 et les analyses par ccm suivie de bioautographie ont été réalisées selon les

conditions indiquées à l'exemple 4.

Les résultats de ccm (figure 17) montrent que la souche CII68 accumule préférentiellement du 3- α -mycarosyl érythronolide B ainsi que de petites quantités d'érythronolide B 5 comme attendu d'un mutant eryC.

La séquence eryCIII présente une forte homologie avec d'autres glycosyltransférases putatives telles que DauH (43 % d'identité au niveau protéique) et DnrS (47 % d'identité) impliquées dans la biosynthèse de la daunorubicine chez 10 *S. peucetius* (Ottén et al., 1995) et chez *Streptomyces* sp C5 (Dickens et al., 1996) ainsi que TylM2 (50 % d'identité) impliquée dans le transfert du mycaminoïde sur la tylactone dans la voie de biosynthèse de la tylosine chez *S. fradiae* (Gandecha et al., 1997).

15 Ces observations indiquent que gène eryCIII code pour la désosaminyltransférase dans la voie de biosynthèse de l'érythromycine.

EXEMPLE 8 : construction du plasmide pCIIA .

Un plasmide d'intégration, dénommé pCIIA et portant une 20 délétion dans le gène eryBII codant pour l'ORF9, a été construit selon le schéma de la figure 8A.

Le plasmide pK23 (figure 5A) a été obtenu par sous-clonage dans pUC19 du fragment *KpnI* de 10 kb isolé à partir de l'ADN du clone λ SE5.5 digéré par l'enzyme de restriction 25 *KpnI*.

Dans un premier temps, le vecteur navette pORT1, montré à la figure 8B, a été obtenu par sous-clonage du fragment *PstI* de 4kb isolé par digestion du plasmide pIJ486 avec l'enzyme de restriction *PstI* incluant le gène de résistance 30 au thiostrepton et le réplicon *Streptomyces*, dans le site *PstI* de pUC19.

Une délétion hors phase de 304 pb a été introduite dans l'ORF9 du nucléotide 10881 au nucléotide 11184 de la séquence de la figure 2 en sous-clonant le fragment *SacI-KpnI* (1,1 kb) 35 du plasmide pK23 avec le fragment *EcoRI-KpnI* (1,7 kb) du plasmide pEco2 obtenu à l'exemple 1 dans le plasmide pORT1 ci-dessus préalablement digéré avec les enzymes de restriction *SacI* et *EcoRI*. Le plasmide d'intégration pCIIA ainsi

obtenu (figure 8C) a été ensuite transféré dans la souche *E. coli* DH5aMRC, puis utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.

EXEMPLE 9 : construction d'une souche *Sac. erythraea eryCIIA* (CII62).

- 5 Une souche dans laquelle le gène *eryCII* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide *pCIIA* obtenu à l'exemple 8 a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide *pCIIA*.

La préparation des protoplastes, le processus d'intégration et la sélection des mutants ayant le phénotype *ery⁻* ont été réalisés comme à l'exemple 3.

De plus, la présence de la délétion attendue dans le chromosome (délétion de 304 bp du nucléotide 10881 au nucléotide 11184 de la séquence de la figure 2) a été confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que par PCR selon les conditions décrites à l'exemple 3.

Par hybridation Southern sur l'ADN génomique digéré par l'enzyme de restriction *EcoRI*, en utilisant comme sonde l'oligonucléotide C3-S ayant la séquence ci-dessus, une bande de 2,2 kb à partir de la souche sauvage et une bande de 1,8 kb à partir du mutant CII62 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure 15 indiquent chez le mutant la présence d'une délétion d'environ 400 pb dans cette région du chromosome.

- 25 L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant l'oligonucléotide ayant la séquence suivante
- C2-S GGAATTCATGACCACGACCGATC (SEQ ID N° 34)
correspondant au brin complémentaire de la région d'ADN de la fin du gène *eryAIII* située de la position 20258 à la position 20280 de la séquence déposée dans la base EMBL sous la référence X62569 et décrite par Bevitt et al., 1992 et l'oligonucléotide ayant la séquence suivante
- C2-R CGCTCCAGGTGCAATGCCGGGTGCAGGC (SEQ ID N° 35)
correspondant à la séquence située de la position 10558 à la position 10585 de la séquence de la figure 2 permettant d'encadrer par amplification PCR la région portant la délétion interne à l'ORF9. L'analyse par amplification par PCR a permis de détecter une bande d'environ 760 pb dans la

souche sauvage et une bande d'environ 460 pb dans le mutant CII62 de façon identique au signal obtenu avec pCIIA. Les résultats montrés à la figure 16 confirment que la délétion d'environ 400 pb détectée par l'analyse Southern est

5 identique à celle portée par le plasmide pCIIA (304 pb).

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée CII62, a été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits par la souche.

EXEMPLE 10 : fermentation de la souche CII62 et identification des métabolites secondaires produits.

La culture de la souche CII62 et les analyses par ccm suivie de bioautographie ont été réalisées selon les conditions indiquées à l'exemple 4.

Les résultats de ccm (figure 17) montrent que la souche 15 CII62 accumule préférentiellement du 3- α -mycarosyl érythronolide B ainsi que de petites quantités d'érythronolide B comme attendu d'un mutant *eryC*.

La séquence *eryCII* présente une forte homologie avec des gènes impliqués dans les voies de biosynthèse de la daunosamine (DnrQ, 38 % d'identité au niveau protéique, Otten et al., 1995) et du mycaminoose (protéine codée par l'ORF1*, 40 % d'identité au niveau protéique, Gandecha et al., 1997) qui ont également besoin de transférer un groupement céto en position 3 à partir d'un carbone adjacent.

25 Ces observations indiquent que le gène *eryCII* code pour la dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase dans la voie de biosynthèse de la dTDP-désosamine.

EXEMPLE 11 : clonage et séquençage de la région *eryAI-eryK* du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine.

30 Des cosmides contenant la région *eryAI-eryK* du cluster de gènes *ery* tel que le cosmide Cos6B, ont été isolés par screening d'une banque d'ADN génomique de *Sac. erythraea* dans le vecteur cosmique pWE15 (Stratagene) en utilisant comme sonde un fragment d'ADN de 13,2 kb comprenant la totalité du 35 gène *eryAI* et correspondant à la région d'ADN comprise entre le site *NcoI* situé à la position 44382 de la séquence de la figure 3 et le site *NcoI* situé à la position 392 de la séquence X62569 (Bevitt et al., 1992). La sonde a été

préparée de la façon suivante : Dans un premier temps, le fragment *Nco*I de 13,2 kb a été isolé à partir du plasmide pBK25 décrit par Bevitt et al., 1992 et sous-cloné dans le site *Sma*I de pUC18 après remplissage des extrémités *Nco*I avec le fragment de Klenow. A partir du plasmide pNCO12 ainsi généré, le fragment de 13,2 kb a été isolé par digestion avec l'enzyme de restriction *Nco*I.

Le cosmide cos6B ainsi obtenu a été digéré par l'enzyme de restriction *Nco*I et les fragments résultants de 2,8 kb et 6,1 kb ont été clonés dans le site *Nco*I du vecteur Litmus28 générant respectivement les plasmides pNCO28 et pNCO62 montrés à la figure 5B.

Le plasmide pNCO28 a été séquencé par génération de sous-clones en utilisant l'exonucléase III selon le protocole du fournisseur de la trousse Erase-a-Base Kit (Promega) en digérant par les enzymes de restriction respectivement *Sac*I/*Xba*I et *Nsi*I/*Bam*HI pour la direction inverse. La séquence a été complétée en utilisant comme amorces les oligonucléotides synthétiques ayant les séquences suivantes

20 644 GATCACGCTCTTCGAGCGGCAG (SEQ ID N° 36)
 645 GAACTCGGTGGAGTCGATGTC (SEQ ID N° 37) et
 650 GTTGTGCGATCAAGACCCGCAC (SEQ ID N° 38)

Pour le séquençage du plasmide pNCO62, des matrices ont été générées par sonication de l'ADN selon Bankier et al. (1987) en utilisant pUC18 comme vecteur. La séquence a été complétée en utilisant comme amorces les oligonucléotides synthétiques ayant les séquences suivantes :

646 CATCGTCAAGGAGTTCGACGGT (SEQ ID N° 39)
 647 TGCGCAGGTCCATGTTACACACGTT (SEQ ID N° 40)
 30 648 GCTACGCCCTGGAGAGCCTG (SEQ ID N° 41)
 649 GTCGCGGTGCGAGAGCAGAC (SEQ ID N° 42) et
 874 GCCAGCTCGGCGACGTCCATC (SEQ ID N° 43).

Les jonctions *Nco*I ont été séquencées en utilisant comme matrice l'ADN du cosmide cos6B obtenu ci-dessus dont les régions recouvrant les sites *Nco*I ont été séquencées en utilisant les amorces ayant les séquences 644 et 645 indiquées ci-dessus.

De plus, un fragment *Cla*I-*Nco*I de 0,9 kb, contenant le

début de la séquence du gène *eryAI* et la partie 5' de l'ORF13, a été cloné dans pUC18. Ce fragment a été préparé de la façon suivante : Le plasmide pBK6-12 représenté à la figure 5B a d'abord été généré par sous-clonage dans le phagmide pTZ18R du fragment *XpnI* de 4,5 kb isolé à partir du plasmide pBK25 décrit par Bevitt et al., 1992. Le sous-clone pCN9 a ensuite été généré par sous-clonage du fragment *ClaI-NcoI* de 0,9 kb isolé à partir du plasmide pBK6-12 dans le site *SmaI* de pUC19, après remplissage des extrémités à l'aide du fragment de Klenow. Le plasmide pCN9 ainsi obtenu (figure 5B) a été séquencé. Des matrices ont été générées par sonication de l'ADN selon Bankier et al. (1987) en utilisant pUC18 comme vecteur. La séquence a été complétée en utilisant comme amorce l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :

15 875 CGACGAGGTCGTCGATCAG (SEQ ID N° 44).

Le séquençage de l'ADN est réalisé par la méthode de Sanger (1977) en utilisant un séquenceur automatisé sur les matrices d'ADN double brin avec le séquenceur Applied Biosystem 373 A. L'assemblage des données de séquence a été réalisé avec le logiciel SAP (Staden, 1984). Les séquences ont été analysées en utilisant le logiciel GCG (Devereux, 1984).

Les séquences nucléotidiques obtenues ont permis d'établir la séquence nucléotidique de 8160 bp de la figure 3 (séquence de SEQ ID N° 6) dans laquelle sept ORFs (13-19) ont été identifiées respectivement du nucléotide 43841 au nucléotide 44806, du nucléotide 44809 au nucléotide 46053, du nucléotide 46109 au nucléotide 46819, du nucléotide 46907 au nucléotide 48436, du nucléotide 48436 au nucléotide 49638, du nucléotide 49679 au nucléotide 51145 et du nucléotide 51177 au nucléotide 51755 (numérotés dans la figure 3 à partir du site *BamHI* situé à l'extrémité 5' du gène *ermE*) (respectivement séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207, du nucléotide 1210 au nucléotide 2454, du nucléotide 2510 au nucléotide 3220, du nucléotide 3308 au nucléotide 4837, du nucléotide 4837 au nucléotide 6039, du nucléotide 6080 au nucléotide 7546 et du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) et correspondant respectivement aux gènes *eryBIV*,

eryBV, eryCVI, eryBVI, eryCIV, eryCV et eryBVII, selon Liu et Thorson (1994) dont les caractérisations fonctionnelles n'avaient pas encore été identifiées. Les sept ORFs (13-19) sont dans la même direction, la lecture se faisant à partir 5 de la région 5' du gène eryAI.

Des échantillons de *E. coli* XL1-blue contenant la région codante des ORFs ci-dessus ont été déposés à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE, 10 le 16 juillet 1997 :

- le plasmide pBK6-12 comprenant la séquence codante pour l'ORF13 et pour une partie de l'ORF14 sous le numéro I-1898
- le plasmide pNCO28 comprenant la séquence codante pour les ORFs 14 et 15 ainsi que pour une partie des ORFs 13 et 16 15 sous le numéro I-1901 et
- le plasmide pNCO62 comprenant la séquence codante pour les ORFs 17, 18 et 19 ainsi que pour une partie de l'ORF16 sous le numéro I-1900.

EXEMPLE 12 : construction du plasmide pBIVA.

20 L'ORF13 étant translationnellement couplé à l'ORF14 située en aval, une délétion en phase a dû être introduite. Un plasmide d'intégration, dénommé pBIVA et portant cette délétion, a été construit selon le schéma de la figure 9A.

Le plasmide pPSP4 (figure 5B) a d'abord été construit 25 par sous-clonage du fragment PvuII-SpeI (2,7 kb) isolé à partir du plasmide pBK6-12 obtenu à l'exemple 11 et du fragment SpeI-PstI (1,6 kb) isolé à partir du plasmide pNCO28 obtenu à l'exemple 11 dans le vecteur pUC19 préalablement digéré à l'aide des enzymes de restriction SmaI et PstI.

30 A partir du plasmide pPSP4, le plasmide p19BIVA a été généré en délétant le fragment BclI-NcoI de 510 pb interne à l'ORF13 et en lui substituant 45 pb venant d'un adaptateur synthétique de 54 pb. Cet adaptateur a été généré par appariement des 2 oligonucléotides complémentaires ayant les 35 séquences suivantes

SEQ A

AATTGATCAAGGTGAACACGGTCATGCGCAGGATCCTCGAGCGGAATCCATGGGG

(SEQ ID N° 45) et

SEQ B

CCCCATGGAGTTCGCTCGAGGATCCTGCGCATGACCGTGTTCACCTTGATCAATT
(SEQ ID N° 46)

créant un site *BclI* et un site *NcoI* encadrant la séquence de
5 45 pb.

Pour l'appariement, les deux oligonucléotides ont été
mis à une concentration finale 1,8 μ M dans le tampon
d'hybridation NaCl 50 mM, Tris, HCl 20 mM pH 7,4, $MgCl_2$, 6H₂O
2 mM, chauffés pendant 5 mn à 100°C puis refroidis lentement
10 à température ambiante. Après digestion avec les enzymes de
restriction *NcoI* et *BclI*, une ligation a été effectuée dans
le plasmide pPSP4 dont le fragment *BclI-NcoI* de 510 pb avait
préalablement été éliminé. A partir du plasmide p19BIVA ainsi
généré, le fragment *SacI-EcoRI* (2,2 kb) portant l'ORF13
15 modifiée a été sous-cloné dans le plasmide pUWL218 préalable-
ment digéré avec les enzymes de restriction *SacI* et *EcoRI*. Le
plasmide d'intégration pBIVA ainsi obtenu (figure 9B) a été
ensuite transféré dans la souche *E. coli* DH5 α MRC, puis
utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.
20 **EXEMPLE 13** : construction d'une souche *Sac. erythraea eryBIVA*
(BIV87).

Une souche dans laquelle le gène *eryBIV* porte une
délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide
pBIVA obtenu à l'exemple 12 a été préparée par transformation
25 des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pBIVA.

La préparation des protoplastes, le processus
d'intégration et la sélection des mutants ayant le phénotype
ery⁻ ont été réalisés comme à l'exemple 3.

De plus, la présence de la délétion attendue dans le
30 chromosome (délétion de 510 bp du nucléotide 43872 au
nucléotide 44382 de la séquence de la figure 3) et son
remplacement par la séquence synthétique de 45 pb a été
confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que
par PCR selon les conditions décrites à l'exemple 3.

35 Par hybridation Southern sur l'ADN génomique digéré par
l'enzyme de restriction *XhoI*, en utilisant comme sonde
l'oligonucléotide B4-R ayant la séquence suivante
B4-R AACTCGGTGGAGTCGATGTCGTGCGTGCAGAA (SEQ ID N° 47)

- correspondant au brin complémentaire de la région d'ADN située de la position 44687 à la position 44718 de la séquence de la figure 3, une bande de 5,4 kb à partir de la souche sauvage et une bande de 2,7 kb à partir du mutant
- 5 BIV87 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure 15 indiquent la présence d'un site *Xho*I supplémentaire à une distance de 2,7 kb en amont du site *Xho*I situé à la position 47114 de la séquence de la figure 3 confirmant ainsi l'incorporation de l'adaptateur dans le chromosome de mutant,
- 10 telle qu'attendue par l'incorporation de l'adaptateur synthétique ci-dessus utilisé pour générer le plasmide pBIVA.

- L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant l'oligonucléotide ayant la séquence suivante
- B4-S CAATATAGGAAGGATCAAGAGGTTGAC (SEQ ID N° 48)
- 15 correspondant à la région d'ADN située de la position 43652 à la position 43678 de la séquence de la figure 3 et l'oligonucléotide B4-R ayant la séquence indiquée ci-dessus, permettant d'encadrer par amplification PCR la région portant la délétion interne à l'ORF13. L'analyse par amplification
- 20 par PCR a permis de détecter une bande d'environ 1 kb dans la souche sauvage et une bande d'environ 500 pb dans le mutant BIV87 de façon identique au signal obtenu avec le plasmide pBIV87 (figure 16).

- L'ensemble des résultats d'analyse par Southern et par
- 25 PCR confirme la présence de la délétion de 510 pb et de l'adaptateur synthétique au niveau du chromosome du mutant.

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée BIV87, a été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits par la souche.

- 30 **EXEMPLE 14 : fermentation de la souche BIV87 et identification des métabolites secondaires produits.**

La culture de la souche BIV87 et les analyses par ccm ont été réalisées selon les conditions indiquées à l'exemple 4.

- 35 Les résultats de ccm (figure 17) montrent que la souche BIV87 accumule préférentiellement de l'érythronolide B comme attendu d'un mutant *eryB*.

Des métabolites mineurs de faibles mobilités manifestant

une activité antibiotique ont également été détectés. Ces métabolites ont été extraits et analysés par RP-HPLC couplée à la spectrométrie de masse comme décrit à l'exemple 4.

Les résultats de spectre de masse indiquent que des formes modifiées de l'érythromycine A, B, C et D ont été produites. Un métabolite majeur et 3 métabolites mineurs ont été détectés.

Le métabolite majeur M5 donne un pic parent à m/z 702 avec des produits de déshydratation et de fragmentation à m/z 684, m/z 560 et m/z 158 et correspond à l'élimination de 2 atomes d'hydrogène dans l'érythromycine D (m/z 704, m/z 686). La présence de désosaminyl érythronolide B (fragment m/z à 560) indique que la différence de masse est portée par le sucre neutre. La structure proposée pour ce métabolite est la 4"-céto érythromycine D.

Les métabolites mineurs donnent aussi un profil avec une différence de 2 dans les valeurs m/z respectivement :

- M6 (m/z à 718, m/z 700, m/z 576, m/z 158) au lieu de m/z 720, m/z 702 pour l'érythromycine C ;
- M7 (m/z à 732, m/z 714, m/z 576, m/z 158) au lieu de m/z 734, m/z 716 pour l'érythromycine A ;
- M8 (m/z à 716, m/z 698, m/z 560, m/z 158) au lieu de m/z 718, m/z 700 pour l'érythromycine B.

Les structures proposées sont respectivement la 4"-céto érythromycine C pour M6, la 4"-céto érythromycine A pour M7 et la 4"-céto érythromycine B pour M8.

Ces observations indiquent que le gène eryBIV code pour la dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase dans la voie de biosynthèse du dTDP-mycarose.

La souche BIV87 a été déposée à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE, le 16 juillet 1997 sous le numéro I-1904

EXEMPLE 15 : construction du plasmide pBVΔ.

Un plasmide d'intégration, dénommé pBVΔ et portant une délétion dans le gène eryBV codant pour l'ORF14, a été construit selon le schéma de la figure 10A.

Une délétion de 726 pb a été générée dans l'ORF14 du

nucléotide 44963 au nucléotide 45688 de la séquence de la figure 3 par ligature du fragment *BclI-KpnI* (1,1 kb) isolé à partir du plasmide pBK6-12, obtenu à l'exemple 11, au fragment *KpnI-BamHI* (1,1 kb) isolé à partir du plasmide pNCO28, obtenu à l'exemple 11, dans le plasmide pUWL218 préalablement digéré par l'enzyme de restriction *BamHI*. Le plasmide d'intégration pBVΔ ainsi obtenu (figure 10B) a ensuite été transféré dans la souche *E. coli* DH5αMRC, puis utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.

10 **EXEMPLE 16** : construction d'une souche *Sac. erythraea eryBVΔ* (BV88).

Une souche dans laquelle le gène *eryBV* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide pBVΔ obtenu à l'exemple 15 a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pBVΔ.

La préparation des protoplastes, le processus d'intégration et la sélection des mutants ayant le phénotype *ery⁻* ont été réalisés comme à l'exemple 3.

De plus, la présence de la délétion attendue dans le chromosome (délétion de 726 pb du nucléotide 44963 au nucléotide 45688 de la séquence de la figure 3) a été confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que par PCR selon les conditions décrites à l'exemple 3.

Par hybridation Southern sur l'ADN génomique digéré par l'enzyme de restriction *NcoI*, en utilisant comme sonde l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :

B5-R TCCGGAGGTGTGCTGTCGGACGGACTTGTCGGTCCGAAA (SEQ ID N° 49) correspondant au brin complémentaire de la région d'ADN située de la position 46060 à la position 46098 de la séquence de la figure 3, une bande de 2,7 kb à partir de la souche sauvage et une bande de 2,0 kb à partir du mutant BV88 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure 15 indiquent chez le mutant la présence d'une délétion d'environ 700 pb dans cette région du chromosome.

L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :

B5-S AGGAGCACTAGTGC GGCTACTGCTGACGTCCTT (SEQ ID N° 50) correspondant à la région d'ADN située de la position 44799 à

la position 44831 de la séquence de la figure 3 et l'oligonucléotide B5-R ayant la séquence indiquée ci-dessus, permettant d'encadrer par amplification PCR la région portant la délétion interne à l'ORF14. L'analyse par amplification
5 par PCR a permis de détecter une bande d'environ 1,3 kb dans la souche sauvage et une bande d'environ 570 pb dans le mutant BV88 de façon identique au signal obtenu avec le plasmide pBV88 (figure 16). Ces résultats confirment que la délétion de 710 pb détectée par analyse Southern est
10 identique à celle portée par le plasmide pBVA (726 pb).

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée BV88, a été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits par la souche.

**EXEMPLE 17 : fermentation de la souche BV88 et identification
15 des métabolites secondaires produits.**

La culture de la souche BV88 et les analyses par ccm ont été réalisées selon les conditions indiquées à l'exemple 4.

Les résultats de ccm (figure 17) montrent que la souche BV88 accumule préférentiellement de l'érythronolide B comme
20 attendu d'un mutant eryB.

Des métabolites mineurs de faibles mobilités ont également été détectés puis extraits et identifiés par RP-HPLC couplée à la spectrométrie de masse selon les conditions utilisées à l'exemple 4.

25 Le spectre de masse montre la présence d'un métabolite ayant un pic parent à m/z 560 et des produits de déshydratation et de fragmentation à m/z 542 et m/z 158 pour lequel la structure proposée est le désosaminyl érythronolide B.

La séquence eryBV présente une forte homologie avec
30 d'autres glycosyltransférases ainsi qu'avec le gène eryCIII ci-dessus (60,7 % d'identité au niveau nucléotidique, 44 % au niveau protéique).

Ces observations indiquent que le gène eryBV code pour la mycarosyltransférase impliquée dans la biosynthèse de
35 l'érythromycine.

EXEMPLE 18 : construction d'un plasmide pCVIA (pPSTI).

Un plasmide d'intégration, dénommé pPSTI et portant une délétion dans le gène eryCVI codant pour l'ORF15, a été

construit selon le schéma de la figure 11A de la façon suivante :

Dans un premier temps, le plasmide pNB49 a été généré par traitement à l'exonucléase III du plasmide pNCO28 obtenu à l'exemple 11 préalablement digéré par les enzymes de restriction *NsiI* et *BamHI*. Le plasmide pNB49 (figure 5B) contenant les nucléotides 44382 à 46562 de la séquence de la figure 3, a été ensuite digéré à l'aide de l'enzyme de restriction *PstI* puis traité par la nucléase Mung Bean (NE Biolabs) comme décrit par Sambrook et al. (1989). Après religature et transformation dans *E. coli* XLI-Blue, les colonies résistantes à l'ampicilline ont été sélectionnées par analyse de restriction avec l'enzyme *PstI*. La perte du site *PstI* a été confirmée par séquençage d'un clone en utilisant l'amorce M13 inverse et la délétion du nucléotide 46364 de la séquence de la figure 3 a été observée créant un changement de phase dans l'ORF15 dans le plasmide pNB49Δ*Pst* ainsi généré. Le plasmide pIJ702 digéré avec l'enzyme de restriction *BglII* a été ensuite ligaturé au site *BglII* du plasmide pNB49Δ*Pst* générant le plasmide pPSTI. L'orientation de pIJ702 dans pPSTI a été confirmée par la présence d'un fragment d'ADN ayant 0,9 kb après digestion avec l'enzyme de restriction *SphI*. Le plasmide d'intégration pPSTI (figure 11B) ainsi obtenu a été transféré dans la souche *E. coli* DH5αMRC, puis utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.

EXEMPLE 19 : construction d'une souche *Sac. erythraea eryCVIA* (*Pst10*).

Une souche dans laquelle le gène *eryCVI* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide pPSTI obtenu à l'exemple 18 a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pPSTI.

La préparation des protoplastes et le processus d'intégration ont été réalisés comme à l'exemple 3.

La sélection des mutants ayant le phénotype *ery*⁻ a été réalisée comme à l'exemple 3 en utilisant une souche *B. subtilis* sensible à l'érythromycine au lieu d'une souche *B. pumilus* comme souche indicatrice. La souche *B. subtilis* ATCC 6633 a été utilisée pour évaluer la production

d'érythromycine dans des essais biologiques sur des boîtes d'agar en milieu M1-102 inoculées avec le mutant à analyser et incubées pendant 3 jours à 30°C. Des zones d'agar recouvertes de bactéries ont ensuite été prélevées à 5 l'emporte pièce puis placées sur des boîtes 2 x TY recouvertes d'une surcouche de 5 ml d'agar en milieu TY contenant 200 µl d'une culture de *B. subtilis* ATCC 6633, puis incubées une nuit à 37°C.

L'absence de production d'érythromycine a été évaluée 10 également en présence de précurseurs ajoutés tels que l'érythronolide B ou le 3- α -mycarosyl érythronolide B par application de 10 µl d'une solution 10 mM de chaque métabolite sur les zones d'agar découpées suivie d'une incubation à 30°C pendant une nuit avant de recouvrir les boîtes de la 15 culture de *B. subtilis* comme indiqué ci-dessus. La souche *Sac. erythraea* sauvage "red variant" a été utilisée comme contrôle.

Après la transformation des protoplastes avec le plasmide pPSTI et la sélection des colonies résistantes au 20 thiostrepton, l'intégration dans le chromosome a été confirmée par analyse de Southern selon les méthodes générales décrites à l'exemple 3.

Un fragment d'ADN de 1269 pb correspondant à l'ORF14 généré par PCR en utilisant les oligonucléotides synthétiques 25 ayant les séquences suivantes :

14-1 GGGGGATCCCCATATGCGGGTACTGCTGACGTCCTTCG (SEQ ID N° 51) et

14-2 GAAAAGATCTGCCGCGTGCGGCGCGTGAGTTCCTC (SEQ ID N° 52)

a été utilisé comme sonde.

L'oligonucléotide 14-1 a été dessiné de façon à 30 introduire un site *Bam*HI et un site *Nde*I en amont de la séquence correspondant à la région d'ADN située de la position 44811 à la position 44833 de la séquence de la figure 3.

L'oligonucléotide 14-2 a été dessiné de façon à introduire un site *Bgl*II en aval de la séquence correspondant au 35 brin complémentaire de la région d'ADN située de la position 46027 à la position 46053 de la séquence de la figure 3.

L'ADN chromosomique préalablement digéré avec les enzymes de restriction *Cla*I et *Pst*I a montré les bandes attendues de

4 kb et 7 kb à partir de l'intégrant alors que la souche sauvage présentait la bande de 3 kb attendue.

Après cultures répétées des intégrants, les colonies individualisées obtenues ont été analysées pour la sensibilité au thiostrepton et la production d'érythromycine, puis l'intégration de la délétion attendue (délétion du nucléotide 46364 de la séquence de la figure 3) dans le chromosome d'un clone mutant ayant le phénotype *ery*⁻ (Pst10) a été confirmée par analyse de Southern. L'ADN chromosomique, isolé respectivement à partir de la souche sauvage et du mutant Pst10, a été digéré avec l'enzyme de restriction *Pst*I. L'hybridation avec la sonde *Pst*I-*Nco*I de 0,8kb (nucléotides 46368 à 47142 de la séquence de la figure 3) a donné le profil attendu avec une bande *Pst*I de 1kb correspondant aux nucléotides 46368 à 47397 de la séquence de la figure 3 à partir de la souche sauvage et avec une bande >20 kb à partir du mutant. La perte du site *Pst*I à la position 46368 ci-dessus a aussi été montrée après double digestion par les enzymes *Pst*I et *Nco*I, résultant en une bande *Pst*I-*Nco*I de 0,8 kb (nucléotide 46368 à 47142) à partir de la souche sauvage et une bande *Nco*I de 2,8 kb (nucléotide 44382 à 47142) avec le mutant.

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée Pst10, a ensuite été cultivée pour identifier les métabolites produits.

25 EXEMPLE 20 : fermentation de la souche Pst10 et identification des métabolites secondaires produits.

La souche Pst10 a été cultivée dans le milieu sucrose-succinate décrit par Caffrey et al. (1992) pendant 3 jours à 30°C. Le surnageant de culture a été ensuite extrait à pH 9 avec de l'acétate d'éthyle. Les phases organiques obtenues ont été séchées sur SO_4Mg_2 puis amenées à sec sous pression réduite. Le résidu a été dissous dans le mélange acétonitrile-eau (1:1, v/v), puis a ensuite été analysé par spectrométrie de masse sur un spectromètre BioQ (Micromass, Manchester, UK) ou Finningan LCQ (Finningag, CA).

La production d'érythromycine A (*m/z* 734 et *m/z* 716) n'a pas été observée mais la présence d'érythronolide B (MK⁺ : *m/z* 441 et MNa⁺ : *m/z* 425) ainsi que de 3- α -mycarosyl

érythronolide B (MK⁺ : m/z 585 et MNa⁺ : m/z 569) mise en évidence caractérise la souche Pst10 comme un mutant eryC.

La séquence eryCVI présente une forte homologie avec d'autres méthyltransférases telles que SnoX impliquée dans la biosynthèse de la nogalamycine chez *S. nogalater* (numéro d'accension EMBL S52403) (55,5 % d'identité au niveau protéique), TylM1 impliquée dans la biosynthèse de la tylosine chez *S. fradiae* (numéro d'accension EMBL X81885) (65 % d'identité au niveau protéique) et SrmX impliquée dans la biosynthèse de la spiramycine chez *S. ambofaciens* (numéro d'accension EMBL S25204) (52,8 % d'identité au niveau protéique).

Ces observations indiquent que le gène eryCVI code pour la dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase impliquée dans la voie de biosynthèse de la dTDP-D-désosamine.

EXEMPLE 21 : construction d'un plasmide pBVIA (pXhoI).

Un plasmide d'intégration, dénommé pXhoI et portant une délétion dans le gène eryBVI codant pour l'ORF16, a été construit selon le schéma de la figure 12A de la façon suivante :

Le fragment NcoI-XhoI (3,1 kb) du plasmide pNC062 obtenu à l'exemple 11 et contenant les nucléotides 47142 à 50254 de la séquence de la figure 3 a été sous-cloné dans les sites NcoI et XhoI du plasmide Litmus 28. Le plasmide pNC062X (figure 5B) ainsi généré a été digéré avec l'enzyme de restriction PstI puis traité avec l'ADN polymérase T4 (Boehringer Mannheim). Après religature et transformation dans *E. coli* XL1-Blue, la perte du site PstI au nucléotide 47397 de la séquence de la figure 3 a été confirmée par séquençage et une délétion de 60 pb du nucléotide 47337 au nucléotide 47397 de la séquence de la figure 3 ont été observés. Le plasmide pIJ702 digéré avec l'enzyme de restriction BglII a été ensuite ligaturé au site BglII de cette construction. L'orientation de pIJ702 dans la construction a été confirmée par la présence d'un fragment d'ADN ayant 4,3 kb après digestion avec l'enzyme de restriction XhoI. Le plasmide d'intégration pXhoI (figure 12B) ainsi obtenu a été utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.

EXEMPLE 22 : construction d'une souche *Sac. erythraea eryBVI*Δ (Xho91).

Une souche dans laquelle le gène *eryBVI* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide pXhoI obtenu à l'exemple 21 a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pXhoI.

La préparation des protoplastes et le processus d'intégration ont été réalisés comme à l'exemple 3.

La sélection et l'analyse des mutants ayant le phénotype *ery*⁻ a été réalisée selon les conditions décrites à l'exemple 19.

L'intégration dans le chromosome et la présence de la délétion attendue ont été confirmées par analyse de Southern selon les méthodes générales décrites à l'exemple 19.

Après la transformation des protoplastes avec le plasmide pXhoI et la sélection des colonies résistantes au thiostrepton, l'intégration dans le chromosome a été confirmée par analyse de Southern. En utilisant comme sonde le fragment *Pst*I de 3,3 kb du plasmide pNCO62, l'ADN chromosomique d'un intégrant préalablement digéré avec les enzymes de restriction *Pst*I et *Bgl*III a montré les bandes 3 kb et 6 kb attendues.

Après cultures répétées des intégrants, les colonies individualisées obtenues ont été analysées pour la sensibilité au thiostrepton et la production d'érythromycine, puis l'intégration de la délétion attendue (délétion de 60 pb du nucléotide 47338 au nucléotide 47397 de la séquence de la figure 3) dans le chromosome d'un clone mutant ayant le phénotype *ery*⁻ (XhoI) a été confirmée par analyse de Southern. L'ADN chromosomique, isolé respectivement à partir de la souche sauvage et du mutant XhoI, a été digéré avec l'enzyme de restriction *Pst*I. L'hybridation avec la sonde *Pst*I-*Nco*I de 0,8 kb (nucléotides 46368 à 47142 de la séquence de la figure 3) a donné le profil attendu avec une bande *Pst*I de 1 kb correspondant aux nucléotides 46368 à 47397 de la séquence de la figure 3 à partir de la souche sauvage et avec une bande de 4 kb à partir du mutant indiquant que le site *Pst*I à la position 47397 ci-dessus a été perdu.

La perte du site *Pst*I à la position 47397 a aussi été confirmée par PCR. L'ADN chromosomique a été soumis à une amplification par PCR en utilisant les amorces correspondant respectivement à la séquence du nucléotide 47300 au nucléotide 57320 et à la séquence du nucléotide 47661 au nucléotide 47636 de la séquence de la figure 3. Un fragment attendu de 306 pb a été ainsi amplifié à partir de la souche sauvage générant après digestion avec l'enzyme de restriction *Pst*I deux bandes d'environ 100 et 300 pb. A partir du mutant Xho91, un fragment de 300 pb a été amplifié, résultant de la délétion de 60 pb. Ce fragment a été ensuite isolé et a été trouvé résistant à la digestion par l'enzyme *Pst*I.

La souche recombinante ainsi obtenue et désignée Xho91, a ensuite été cultivée pour identifier les métabolites produits.

EXEMPLE 23 : fermentation de la souche Xho91 et identification des métabolites secondaires produits.

La culture de la souche Xho91 et l'analyse du surnageant de culture par spectrométrie de masse ont été réalisées selon les conditions décrites à l'exemple 20.

La production d'érythromycine A (m/z 734 et m/z 716) n'a pas été observée mais la présence d'une quantité majoritaire d'érythronolide B (MK^+ : m/z 441 ; MNa^+ : m/z 425 ; $M-H_2O$ H^+ : m/z 385) ainsi que la présence de désosaminyl érythronolide B (m/z 560) mises en évidence caractérisent la souche *Pst*10 comme un mutant *eryB*.

Les résultats de spectrométrie de masse ont été confirmés par spectrométrie de masse en haute résolution sur un spectromètre Brucker FT-ICR (Brucker, FRG).

La séquence *eryBVI* présente une forte homologie avec *DnmT* impliquée dans la biosynthèse de la daunorubicine chez *S. peucetius* (numéro d'accèsion EMBL U77891) (43,9 % d'identité au niveau protéique).

Ces observations indiquent que le gène *eryBVI* code pour la dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase impliquée dans la biosynthèse du dTDP-mycarose, comme suggéré par Scotti et Hutchinson, 1996.

EXEMPLE 24 : construction du plasmide *pcIVa*.

Un plasmide d'intégration, dénommé pCIVΔ et portant une délétion dans le gène *eryCIV* codant pour l'ORF17, a été construit selon le schéma de la figure 13A de la façon suivante :

- 5 Le plasmide pNCO62 obtenu à l'exemple 11 a été digéré à l'aide des enzymes de restriction *BalI* et *BclI* de façon à éliminer un fragment ayant 949 pb à l'intérieur de l'ORF17 du nucléotide 48650 au nucléotide 49598 de la séquence de la figure 3. Après remplissage des extrémités à l'aide du
- 10 fragment de Klenow de l'ADN polymérase I, le plasmide a été religaturé et transformé dans *E. coli* XL1-blue. A partir du plasmide pBCB17 ainsi généré, le fragment de 2,68 kb portant la délétion a été isolé par digestion à l'aide des enzymes *XbaI* et *SphI*, puis sous-cloné dans les sites correspondant du
- 15 plasmide pUWL218. La présence de la délétion de 949 pb du nucléotide 48650 au nucléotide 49598 de la séquence de la figure 3 a été confirmée par séquençage. Le plasmide d'intégration pCIVΔ ainsi obtenu (figure 13B) a ensuite été transféré dans la souche *E. coli* DH5αMRC, puis utilisé pour
- 20 transformer *Sac. erythraea*.

EXEMPLE 25 : construction d'une souche *Sac. erythraea eryCIVΔ* (CIV89).

- Une souche, dans laquelle le gène *eryCIV* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide
- 25 pCIVΔ obtenu à l'exemple 24, a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pCIVΔ.

- La préparation des protoplastes, le processus d'intégration et la sélection des mutants ayant le phénotype
- 30 *ery⁻* ont été réalisés comme à l'exemple 3.

- De plus, la présence de la délétion attendue dans le chromosome (délétion de 949 bp du nucléotide 48650 au nucléotide 49598 de la séquence de la figure 3 a été confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que
- 35 par PCR selon les conditions décrites à l'exemple 3.

Par hybridation Southern sur l'ADN génomique digéré par l'enzyme de restriction *NcoI*, en utilisant comme sonde l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :

C4-R AGCGGCTTGATCGTGTGGACCACTAC (SEQ ID N° 53)
correspondant au brin complémentaire de la région d'ADN
située de la position 49996 à la position 50022 de la
séquence de la figure 3, une bande de 6,2 kb à partir de la
souche sauvage et une bande de 5,2 kb à partir du mutant
CIV89 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure 15
indiquent la présence dans le mutant d'une délétion d'environ
1 kb dans cette région du chromosome.

L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant
l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :
C4-S GGCCATGTGGACTACGTGTTGAACGT (SEQ ID N° 54)
correspondant à la région d'ADN située de la position 48169 à
la position 48195 de la séquence de la figure 3 et
l'oligonucléotide C4-R ayant la séquence indiquée ci-dessus,
permettant d'encadrer par amplification PCR la région portant
la délétion interne à l'ORF17. L'analyse par amplification
par PCR a permis de détecter une bande de 1,8 kb dans la
souche sauvage et une bande de 900 pb dans le mutant CIV89 de
façon identique au signal obtenu avec le plasmide pCIVA. Les
résultats montrés à la figure 16 confirment que la délétion
d'environ 900 pb détectée par l'analyse Southern est
identique à celle portée par le plasmide pCIVA (949 pb).

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée CIV89, a
été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits
par la souche.

EXEMPLE 26 : fermentation de la souche CIV89 et identification des métabolites secondaires produits.

La culture de la souche CIV89 et les analyses par ccm
ont été réalisées selon les conditions indiquées à
l'exemple 4.

Les résultats de ccm (figure 17) montrent que la souche
CIV89 accumule préférentiellement du 3- α -mycarosyl érythrono-
lide B ainsi que de l'érythronolide B comme attendu d'un
mutant eryC.

Des métabolites mineurs de faibles mobilités ont été
également détectés, puis extraits et analysés par RP-HPLC
couplée à la spectrométrie de masse selon les conditions
utilisées à l'exemple 4.

Un métabolite mineur donne un pic parent à m/z 720 et des produits de déshydratation et de fragmentation à m/z 702, m/z 576 et m/z 174. Le pic 174 peut correspondre à la 4-hydroxydésosamine et le pic 576 au 4'-hydroxydésosaminyl 5 érythronolide B.

Ces résultats suggèrent que la différence de m/z de 16 comparée à l'érythromycine D (pic parent m/z 704) est portée par le sucre aminé. La structure proposée pour ce métabolite est la 4'-hydroxy érythromycine D.

- 10 Ces observations indiquent que l'enzyme est impliquée dans le retrait du groupement hydroxyle dans la voie de biosynthèse de l'érythromycine et que le gène *eryCIV* code pour la dTDP-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase.

La souche CIV89 a été déposée à la Collection Nationale 15 de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE, le 16 juillet 1997 sous le numéro I-1905.

EXEMPLE 27 : construction du plasmide pCVA .

- 20 Un plasmide d'intégration, dénommé pCVA et portant une délétion dans le gène *eryCV* codant pour l'ORF18, a été construit selon le schéma de la figure 14A de la façon suivante :

Le fragment *BalI*-*BamHI* (3,48 kb), obtenu à partir du plasmide pNCO62 préparé à l'exemple 11 par digestion avec les 25 enzymes de restriction *BalI* et *BamHI*, a été sous-cloné dans les sites *SmaI*-*BamHI* du vecteur pUC19. Du plasmide résultant pBAB18 (figure 5B), le fragment interne *ScaI* (1kb) a été ensuite délété par digestion avec l'enzyme *ScaI* pour générer une délétion de 1044 pb du nucléotide 49998 au nucléotide 30 51041 de la séquence de la figure 3 dans l'ORF18. Du plasmide pBABΔCV ainsi obtenu, le fragment portant la délétion a ensuite été réisolé à partir du polylinker de pUC19 par digestion avec les enzymes de restriction *HindIII* et *EcoRI*, puis sous-cloné dans le plasmide pUWL218. Le plasmide 35 d'intégration pCVA ainsi obtenu (figure 14B) a été transféré dans la souche *E. coli* DH5αMRC, puis utilisé pour transformer *Sac. erythraea*.

EXEMPLE 28 : construction d'une souche *Sac. erythraea* eryCVA

(CV90).

Une souche dans laquelle le gène *eryCV* porte une délétion interne telle que celle introduite dans le plasmide pCVΔ obtenu à l'exemple 27 a été préparée par transformation des protoplastes de *Sac. erythraea* avec le plasmide pCVΔ.

La préparation des protoplastes, le processus d'intégration et la sélection des mutants ayant le phénotype *ery⁻* ont été réalisés comme à l'exemple 3.

De plus, la présence de la délétion attendue dans le chromosome (délétion de 1044 pb du nucléotide 49998 au nucléotide 51041) a été confirmée par analyse génomique par Southern blot ainsi que par PCR selon les conditions décrites à l'exemple 3.

Par hybridation Southern sur l'ADN génomique digéré par l'enzyme de restriction *NcoI*, en utilisant comme sonde l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :
C5-R AACGCCTCGTCTGCGAGACGACGAACA (SEQ ID N° 55)
correspondant au brin complémentaire de la région d'ADN située de la position 51229 à la position 51259 de la séquence de la figure 3, une bande de 6,2 kb à partir de la souche sauvage et une bande de 5,1 kb à partir du mutant CV90 ont été détectées. Les résultats montrés à la figure 15 indiquent chez le mutant la présence d'une délétion d'environ 1,1 kb dans cette région du chromosome.

L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :
C5-S TTCGCTCCCCGATGAACACAACCTCGTA (SEQ ID N° 56)
correspondant à la région d'ADN située de la position 49668 à la position 49694 de la séquence de la figure 3 et l'oligonucléotide C5-R ayant la séquence indiquée ci-dessus, permettant d'encadrer par amplification PCR la région portant la délétion interne à l'ORF18. L'analyse par amplification par PCR a permis de détecter une bande d'environ 1,6 kb dans la souche sauvage et une bande d'environ 500 pb dans le mutant CV90 de façon identique au signal obtenu avec le plasmide pCVΔ. Les résultats montrés à la figure 16 confirment que la délétion d'environ 1,1 kb détectée par l'analyse Southern est identique à celle portée par le plasmide pCVΔ

(1044 pb).

La souche recombinante ainsi obtenue, désignée CV90, a été ensuite cultivée pour identifier les métabolites produits par la souche.

5 **EXEMPLE 29 : fermentation de la souche CV90 et identification des métabolites secondaires produits.**

La culture de la souche CV90 et les analyses par ccm ont été réalisées selon les conditions indiquées à l'exemple 4.

- Les résultats de ccm (figure 17) montre que la souche
- 10 CV90 accumule préférentiellement du 3- α -mycarosyl érythrone-
lido B ainsi que de l'érythrone-
mutant eryC.

La séquence des résidus 38-50 (VTGAGDGDADVQA)
Val Thr Gly Ala Gly Asp Gly Asp Ala Asp Val Gln Ala

15 (SEQ ID N° 61)

de la protéine codée par eryCV (séquence de SEQ ID N° 11) est proche de la séquence consensus de liaison au NAD⁺ décrit par Wierenga et al., 1985 et par Scrutton et al., 1990.

- Ces observations permettent de conclure que le gène
- 20 eryCV code pour une réductase qui interviendrait comme une
dTDP-4,6-désoxyhexose 3,4-réductase dans la voie de biosynthèse de la d-TDP-désosamine.

EXEMPLE 30 : surexpression du produit du gène eryCIII dans *E. coli*.

- 25 L'expression hétérologue du produit du gène eryCIII de
Sac. erythraea correspondant à l'ORF8 décrite à l'exemple 1
et codant pour l'activité désosaminyltransférase identifiée à
l'exemple 7 a été réalisée en utilisant *E. coli* comme souche
hôte. La protéine ainsi produite sous forme de corps
- 30 d'inclusion a été ensuite purifiée et son activité
enzymatique déterminée in vitro.

1) Expression de la protéine EryCIII dans *E. coli*

- L'expression a été réalisée en utilisant le vecteur
pET11a (Stratagène) pour le clonage et l'expression de
- 35 protéines recombinantes dans *E. coli* sous le contrôle du
promoteur de l'ARN polymérase du bactériophage T7.

Dans un premier temps, le gène eryCIII a été amplifié à partir du plasmide pK62 décrit à l'exemple 1 de la façon

suiivante :

L'amplification par PCR a été effectuée en utilisant la polymérase Native Pfu (Stratagène) et comme amorces

l'oligonucléotide A homologue au brin codant du gène *eryCIII*

5 ayant la séquence

A GAAGGAGATATACATATGCGCGTCGTCTTCTCCTC (SEQ ID N° 57)

permettant d'introduire un site *NdeI* en amont de l'ATG initiateur de *eryCIII* et l'oligonucléotide B homologue au brin complémentaire du gène *eryCIII* ayant la séquence

10 B CGGGATCCTCATCGTGGTCTCTCCTCCTGC (SEQ ID N° 58)

permettant d'introduire un site *BamHI* en aval du codon stop du gène *eryCIII*.

L'ADN amplifié a été ensuite digéré par les enzymes de restriction *NdeI* et *BamHI*, puis le fragment *NdeI*-*BamHI* de

15 1,2 kb obtenu contenant la totalité du gène *eryCIII* a été ligaturé dans le vecteur d'expression pET11a (Stratagène) qui contient le gène β -lactamase de résistance à l'ampicilline, l'origine de répllication ColE1 et le promoteur du gène de l'ARN polymérase T7 situé en amont du site de clonage *NdeI*,
20 préalablement digéré avec les enzymes de restriction *NdeI* et *BamHI*. Après ligation et transformation dans *E. coli* XL1-blue, le plasmide pCEIII ainsi obtenu a été confirmé par carte de restriction et séquençage.

La souche d'*E. coli* BL21(DE3) de la trousse pET

25 (Stratagène) qui contient dans son ADN chromosomique le gène *lacI^q* et le promoteur *lacUV5* en amont du gène de l'ARN polymérase T7, a ensuite été transformée par le plasmide pECIII.5.

La souche transformée obtenue, dénommée BL21/pECIII, a

30 été cultivée en erlen de 50 ml à 37°C en milieu LBensemencé à $DO_{600}=0,1$ à partir d'une préculture, puis induite par l'isopropyl- β -D-thiogalactopyranoside (IPTG) 1mM à $DO_{600}=1$. Après 3 h 30 d'induction, 1 ml de culture a été prélevé et centrifugé, puis le culot bactérien obtenu a été dissout dans
35 240 μ l d'eau et 120 μ l de tampon d'échantillon SDS 3X (Tris-HCl 1M pH = 6,8 : 1,9 ml ; glycérol 3 ml ; β -mercaptoéthanol 1,5 ml ; SDS 20 % , 3 ml ; bleu de bromophénol 1 % pH = 7 : 0,3 ml ; H_2O qsq 10 ml). A partir de 15 μ l de la solution

obtenue, les protéines totales extraites ont été analysées par SDS-PAGE sur un gel à 10 % de polyacrylamide avec une coloration au bleu de Comassie.

- La surexpression d'une protéine ayant un poids moléculaire apparent d'environ 46 Kd correspondant au PM attendu pour la protéine EryCIII a été observée comparative-ment aux protéines totales d'une souche témoin transformée par le plasmide pET11a.

2) Purification de la protéine EryCIII

- La souche transformée BL21/pECIII ci-dessus a été cultivée en fermenteur de 6 litres en milieu minimum contenant du glycérol comme source de carbone (Korz et al., 1995) à 25°C jusqu'à $D_{0600}=12$, puis induite par l'IPTG pendant 18 h jusqu'à $D_{0600}=54$. A partir du bouillon récolté, le culot bactérien contenant des corps d'inclusion a été isolé par centrifugation à 5000 g pendant 30 mn.

- L'induction de la protéine EryCIII a été contrôlée par SDS-PAGE (gradient de polyacrylamide : 10 à 20 %) et avec une coloration au bleu de Comassie après lyse sur un aliquot dans le tampon SDS 1 %, à 100°C pendant 5 min, soit directement sur le bouillon récolté, soit sur le culot bactérien après une première lyse par sonication dans un tampon phosphate.

- 190 g de culot bactérien correspondant à 1 litre de bouillon récolté ont été remis en suspension dans 2,5 volumes de tampon $\text{KH}_2\text{PO}_4/\text{K}_2\text{HPO}_4$ 20 mM pH 7,2 contenant de l'EDTA 2,5 mM et du DTT 2,5 mM. Les cellules ont été ensuite lysées en utilisant un appareil Rannie (Mini-Lab, type 8-30H, APV Homogenisers AS, Denmark) avec trois passages sous une pression de 1000 bars. Après centrifugation à 46.000 g pendant 3 heures, le culot obtenu a été mis en suspension dans 2,5 volumes d'urée 2M puis centrifugé dans les mêmes conditions.

- Le culot ainsi lavé a été ensuite mis en suspension dans 2,5 volumes d'une solution d'urée 7M dans du tampon tris 50 mM pH 7,5 (tampon A) de façon à solubiliser la protéine EryCIII. Après centrifugation dans les mêmes conditions, le surnageant recueilli obtenu contient 2,1 g de protéines totales déterminées par la méthode de Bradford en utilisant

une trousse du commerce (Pierce).

L'extrait dans l'urée 7M a été ensuite chargé à la vitesse de 0,5 mètres/h et à 4-8°C sur une colonne de 180 ml (5 cm x 9 cm) de Q sepharose (Pharmacia) préalablement
5 équilibrée avec le tampon A ci-dessus et avec une détection à 280 nm. La protéine EryCIII a été ensuite éluée avec le tampon A contenant NaCl 0,3M. Les fractions réunies, contenant la protéine EryCIII, mise en évidence par SDS-PAGE (gradient de polyacrylamide : 10 à 20 %) révélée par
10 coloration au bleu de Comassie et 835 mg de protéines totales, ont été ensuite chargées sur une colonne de 5,5 litres (10 cm x 70 cm) de Superdex 200 Prep grade (Pharmacia) préalablement équilibrée avec le tampon A ci-dessus. Par élution de la colonne avec le tampon A et par détection à
15 280 nm, un pic de protéine a été obtenu dont les fractions contenant la protéine EryCIII mise en évidence par SDS-PAGE et 200 mg de protéines totales ont été réunies puis purifiées sur une colonne de 180 ml (5 cm x 9 cm) de Q Source (Pharmacia) préalablement équilibrée avec le tampon A. Par
20 élution avec un gradient linéaire de NaCl variant de 0 à 0,3 M dans le tampon A, 30 ml de solution contenant 100 mg de protéine EryCIII dénaturée homogène en pureté évaluée par SDS-PAGE, avec une révélation au nitrate d'argent, ont été obtenus.

25 La figure 18 montre l'évolution de la pureté de la protéine EryCIII suivie par SDS-PAGE (gradient de polyacrylamide : 10 à 15 %) pour un dépôt de 500 ng de protéines totales et une révélation au nitrate d'argent successivement après extraction à l'urée 7M (ligne 2),
30 chromatographie Q sepharose (ligne 3), chromatographie Superdex (ligne 4), chromatographie Q source (ligne 6) par rapport aux marqueurs de poids moléculaire (lignes 1 et 5).

La protéine EryCIII a été ensuite renaturée par dilution de l'éluat homogène avec une solution de tampon A contenant
35 du DTT 10 mM pour obtenir une concentration finale en protéine de 0,1 mg/ml. La solution diluée a été ensuite dialysée contre du tampon Tris 50 mM ; NaCl 0,15 M ; 0,3 % n-octyl- β -D-glucopyranosyl (NOG) ; DTT 10 mM, pH 8,3 puis

concentrée à 4 mg/ml par ultrafiltration sur une membrane PLGC04310 (Millipore) ayant un seuil de coupure de 10.000.

La protéine EryCIII purifiée a été ensuite conservée à l'état congelé à -20°C en aliquots de 500 µl.

5 3) Caractérisation de la protéine EryCIII

La caractérisation de la protéine EryCIII ainsi obtenue a été examinée pour les propriétés suivantes :

a) Homogénéité.

- L'électrophorèse par SDS-PAGE (gradient de polyacrylamide : 10 à 15 %) en utilisant l'appareil Phast System (Pharmacia) et une révélation au nitrate d'argent montre une pureté supérieure à 99 % pour un dépôt de 2000 ng.
- b) Poids moléculaire par électrophorèse et spectrométrie de masse.

- 15 Par électrophorèse, un PM apparent de 46 kDa a été déterminé en accord avec le PM calculé de 45929.

L'analyse par RP-HPLC couplée à la spectrométrie de masse (HPLC : ESI-SM) donne une masse de 45934 uma.

c) Séquence en acide aminés N-terminale

- 20 La séquence N-terminale a été déterminée par microséquençage sur un microséquenceur de protéine Model A492 couplé à un analyseur HPLC de PTH-aminoacides (Applied Biosystems).

Aucune séquence secondaire n'a été décelée pour les

- 25 10 premiers résidus qui est en accord avec la séquence en acides aminés décrite à la figure 2 (séquence de SEQ ID N° 5).

d) Activité biologique

- L'activité désosaminyl transférase de la protéine
- 30 EryCIII a été déterminée in vitro par la mise en évidence de la formation d'érythromycine D à partir de dTDP-D-désosamine, dont la préparation est décrite plus loin et de 3- α -mycarosyl érythronolide B (MEB) dont la préparation est décrite ci-dessus dans Matériels et Méthodes générales.

- 35 Le milieu de réaction contient 150 nmoles de dTDP-D-désosamine, 137,4 nmoles de MEB et 1 mg de protéine EryCIII en utilisant les conditions opératoires suivantes :

Dans un tube en verre à vis, on introduit successivement

4,78 ml de tampon Tris 50 mM pH 7,3 (tampon B) ; 20 μ l de dTDP-D-désosamine, sel de triéthylamine (150 nmoles) en solution dans le tampon B contenant EDTA 1 mM et PEFABLOC O, 4 mM (Merck) ; 100 μ l de MEB (137,4 nmoles) en solution dans le tampon B et 1 mg de protéine EryCIII correspondant à 250 μ l d'un aliquot de solution congelée obtenue ci-dessus.

Après homogénéisation au Vortex, le tube bouché est placé pendant 5 h dans un bain thermostaté à 30°C, puis on ajuste le pH à 9-10 avec NaOH 32 % puis extrait le mélange réactionnel 3 fois avec 5 ml d'acétate d'éthyle. L'extrait obtenu, amené à sec sous pression réduite, puis repris par 100 μ l de chlorure de méthylène est ensuite analysé par ccm dans les conditions indiquées à l'exemple 4 en utilisant comme éluant le mélange chlorure de méthylène/méthanol (90 : 10, v/v).

Un essai témoin ($t = 0$) dont l'incubation est arrêtée immédiatement par l'ajout de NaOH, est effectué dans les mêmes conditions.

Les résultats obtenus par révélation chimique montrent l'apparition d'un produit moins mobile ayant un R_f voisin de l'érythromycine D attendue et pour lequel une faible activité antibiotique est détectée par autobiogramme direct des plaques sur *B. pumilus*. Aucune activité biologique n'est observée pour l'essai témoin (figure 19).

Ces résultats confirment que la protéine EryCIII produite dans *E. coli* et purifiée ci-dessus a l'activité désosaminyl transférase attendue et a été correctement renaturée.

EXEMPLE 31 : utilisation de la séquence du gène *eryCIII* comme sonde pour isoler les gènes *oleG1* et *oleG2* codant pour des glycosyltransférases chez *S. antibioticus*.

1) clonage des gènes *oleG1* et *oleG2*

La séquence du gène *eryCIII* de *Sac. erythraea* correspondant à l'ORF8 décrite à l'exemple 1 codant pour l'activité désosaminyltransférase a été utilisée pour préparer une sonde d'hybridation et a permis d'isoler des gènes homologues dans la souche *S. antibioticus* ATCC 11891 productrice d'oléandomycine par hybridation Southern.

L'intégralité du gène *eryCIII* a été amplifiée par PCR à partir de 6 ng du plasmide pK62 obtenu à l'exemple 1 en suivant les conditions opératoires décrites à l'exemple 3 en utilisant la polymérase native pfu (Stratagene) et comme amorces l'oligonucléotide ayant la séquence suivante :

eryCIII-1 CGGGTACCATGCGCGTCGTCTTCTCCTCCATG (SEQ ID N° 59) comportant un site de restriction *KpnI* dans sa région 5' et dont la partie 3' correspond au brin complémentaire de la région d'ADN située de la position 10196 à la position 10219

10 de la séquence de la figure 2 et l'oligonucléotide *eryCIII*2 ayant la séquence suivante :

eryCIII-2 CGGGTACCTCATCGTGGTTCTCTCCTTCC (SEQ ID N° 60) comportant un site *KpnI* dans sa région 5' et dont la partie 3' correspond à la région d'ADN située de la position 8954 à

15 la position 8974 de la séquence de la figure 2.

La bande d'environ 1,2 kb obtenue par amplification a été ensuite digérée par l'enzyme de restriction *KpnI* et clonée dans le plasmide pUC19 préalablement digéré par l'enzyme *KpnI*. Le plasmide pCIIIPCR1 ainsi obtenu a été

20 ensuite utilisé pour réisoler le fragment *KpnI* de 1,2 kb correspondant à l'intégralité du gène *eryCIII* montré à la figure 2. Le fragment ainsi isolé a été ensuite marqué au ³²P par la technique "random priming" décrite par Sambrook et al., 1989 et utilisé comme sonde *eryCIII* pour analyser par

25 hybridation Southern des clones cosmides obtenus à partir d'une banque d'ADN génomique de *S. antibioticus* ATCC 11891 et préparés de la façon suivante (figure 20) :

Une série de six cosmides (cosAB35, cosAB76, cosAB87, cosAB67, cosAB63 et cosAB61) se chevauchant et couvrant

30 environ 100 kb de la région correspondant au cluster de gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine a été isolée en suivant la méthode décrite par Swan et al., 1994 en utilisant comme sondes le fragment *SmaI* de 2 kb interne à la troisième sous-unité de la polykétide synthase de *Sac. erythraea* dans le

35 cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine (Cortes et al., 1990) suivie d'une marche sur le chromosome. Les sondes *strD*, *strE* et *strM* codant respectivement pour la dTDP-glucose synthase, la dTDP-glucose 4,6-déshydratase et la

dTDP-6-désoxyglucose 3,5-épimérase de *S. griseus* (Stockmann et Piepersberg, 1992) hybrident avec les cosmides cosAB61 et cosAB63 (fig. 20). De façon analogue, par hybridation Southern avec la sonde eryCIII préparée ci-dessus effectuée selon les conditions standard décrites par Hopwood et al., 1985, le cosmide cosAB35 (Swan et al., 1994) donne des signaux positifs dans deux fragments de restriction BamHI de 3,5kb et de 2,7 kb représentés à la figure 20. Le sous-clonage et le séquençage ultérieurs montrent que ces deux fragments sont séparés par un fragment BamHI de 0,6 kb non détecté par hybridation.

Un fragment SstI de 10,8 kb d'ADN génomique de *S. antibioticus* ATCC 11891 représenté à la figure 21, correspondant à la partie droite du cluster de gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine comprise entre le site SstI en position 11081 du gène OLE-ORF3 des PKS de la séquence EMBL n°L09654) et le site SstI en position 5 de la séquence EMBL n°L36601 situé à 1,4 kb en amont du gène oleB et hybridant avec la sonde eryCIII préparée ci-dessus, a été isolé à partir du cosmide cosAB35 et sous-cloné dans le vecteur plasmidique pSL1180 (Pharmacia Biotech). Le clone pCO35-S ainsi obtenu a été utilisé pour générer des matrices simple brin par sous-clonage de différents fragments d'ADN dans les bactériophages M13mp18 et MP13mp19 (New England Biolabs), puis la séquence nucléotidique de ces fragments a été déterminée selon la méthode de Sanger et al. (1977) en utilisant une polymérase T7 modifiée (Sequenase version 2.0; U.S. Biochemicals) en présence d' α [³⁵S]dCTP (Amersham) et de 7-déaza-dGTP, selon les recommandations du fournisseur afin de limiter les problèmes de compression de bandes. Les amorces conventionnelles fournies avec la trousse Sequenase ainsi que les amorces synthétiques (17mer) internes ont été utilisées.

L'assemblage des données de séquence a été réalisé en utilisant le programme Fragment Assembly (Genetic Computer Group, University of Wisconsin) et l'identification des phases ouvertes de lecture en utilisant le programme CODONPREFERENCE (Devereux et al., 1984).

Les séquences nucléotidiques obtenues ont permis d'établir la séquence nucléotidique de 6093 bp représentée à la figure 22 (séquence de SEQ ID N° 15), comprise entre les sites *SphI** et *KpnI* montrés à la figure 21, dans laquelle 5 cinq ORFs ont été identifiées respectivement du nucléotide 184 au nucléotide 1386 (ORF dénommée *oleP1*), du nucléotide 1437 au nucléotide 2714 (ORF dénommée *oleG1*), du nucléotide 2722 au nucléotide 3999 (ORF dénommée *oleG2*), du nucléotide 3992 au nucléotide 4729 (ORF dénommée *oleM*) et du nucléotide 10 4810 au nucléotide 5967 (ORF dénommée *oleY*). Les cinq ORFs sont transcrites dans la même direction.

Des échantillons de *E. coli* contenant le plasmide pCO35-S comprenant la région codante des ORFs *oleP1*, *oleG1*, *oleG2*, *oleM* et *oleY* ont été déposés à la Collection Nationale 15 de Cultures de Microorganismes (CNCM) INSTITUT PASTEUR, 25, Rue du Docteur Roux 75724 PARIS CEDEX 15 FRANCE, le 8 avril 1998 sous le numéro I-2003.

Le gène *oleG1* code pour un polypeptide ayant 426 acides aminés (séquence de SEQ ID N° 17). Cependant, la présence 20 d'un codon CGC codant pour une arginine très conservée dans cette classe de glycosyltransférase chez les Streptomycètes situé immédiatement en amont du codon GTG, indiquerait que le codon initiateur pourrait être le codon CTG en position 1431 de la séquence SEQ ID N° 17.

25 Le gène *oleG2* code pour un polypeptide ayant 426 acides aminés (séquence de SEQ ID N° 18).

La comparaison des séquences en acides aminés déduites des ORFs *oleG1* et *oleG2* ci-dessus avec les protéines de bases de données à l'aide du programme Blast (Altschul et al., 30 1990) a montré des similarités avec des glycosyl transférases de différentes sources, notamment environ 72 % de similarité et 53 % d'identité avec la déosaminyltransférase EryCIII décrite à l'exemple 30.

L'identification de la fonction du gène *oleG1* ou du gène 35 *oleG2* a été ensuite réalisée par interruption du gène cible dans la souche de *S. antibioticus* ATCC 11891 et par identification d'un précurseur non glycosylé de l'oléandomycine produit par la souche mutante en utilisant les méthodes

décrites dans les exemples 3 à 4.

2) génération d'une souche de *S. antibioticus* oleG1Δ (A35G1).

Une souche dans laquelle le gène *oleG1* est interrompu a été préparée par intégration d'un plasmide pCO3 dans les 5 régions homologues de l'ADN chromosomique de la souche de *S. antibioticus* ATCC 11891 productrice d'oléandomycine.

Dans un premier temps, le fragment *Bam*HI de 0,6 kb interne au gène *oleG1*, obtenu par digestion du plasmide pCO35-S préparé ci-dessus, avec l'enzyme de restriction *Bam*HI 10 (figure 21), a été sous-cloné dans le site *Bam*HI du plasmide pOJ260 NRRL B-14785.

Le plasmide pCO3 ainsi généré a été ensuite transféré dans la souche *E. coli* TG1 *recO1504::Tn5* (Kolodner et al., 1985), puis utilisé pour transformer les protoplastes de 15 *S. antibioticus*. La sélection des transformants a été réalisée par résistance à l'apramycine (Apramycine pour injection, Rhône Mérieux).

La préparation des protoplastes a été réalisée à partir de la souche *S. antibioticus* ATCC 11891 en suivant les 20 conditions décrites par Hopwood et al., 1985.

La transformation a été réalisée en utilisant 50 µl d'aliquot de protoplastes, 5 µg d'ADN plasmidique pCO3 et en remplaçant le thiostrepton par de l'apramycine à la concentration finale de 25 µg/ml.

25 La sélection des intégrants effectuée par résistance à l'apramycine a permis d'isoler un clone dénommé A35G1.

L'altération attendue dans la région correspondante du chromosome de *S. antibioticus* a été confirmée par analyse génomique par Southern blot. L'ADN chromosomique isolé puis 30 digéré par l'enzyme de restriction *Pst*I à partir de la souche *S. antibioticus* sauvage ou du mutant A35G1 a été analysé par Southern en utilisant comme sonde d'hybridation le fragment *Bam*HI de 0,6 kb indiqué ci-dessus. Le remplacement du fragment *Pst*I de 4,7 kb ainsi détecté dans la souche sauvage 35 par deux fragments *Pst*I de 2,4 et 6,5 kb dans le mutant A35G1 confirme l'intégration du plasmide pCO3 dans le chromosome de la souche A35G1 au niveau de l'ORF *oleG1*.

La souche recombinante A35G1 ainsi obtenue a été ensuite

cultivée pour identifier les précurseurs produits par la souche.

3) fermentation de la souche A35G1 et identification des précurseurs de l'oléandomycine produits.

- 5 La souche A35G1 a été cultivée pendant 72 h en erlen de 50 ml dans le milieu EP2 à partir d'une préculture de 48 h en milieu EP1 dans les conditions décrites à l'exemple 4.

Les extraits de bouillon avec de l'acétate d'éthyle ont été ensuite analysés selon les méthodes utilisées dans les

- 10 exemples 3 et 4.

a) L'essai biologique par antibiogramme a été réalisé de la façon suivante :

- Après croissance de la souche *B. pumilus* sur milieu TSB pendant une nuit à 37°C, la culture a été diluée à 1/100 dans
15 du milieu contenant 50 % (w/v) de glycérol, puis la suspension cellulaire obtenue a été conservée à -20°C avant utilisation.

- L'essai biologique a ensuite été effectué en introduisant 150 µl de la suspension cellulaire décongelée
20 dans 100 ml de milieu TSB contenant 1 % d'agar et maintenu à 55°C. Le mélange a été ensuite versé dans des boîtes de pétri. Après refroidissement, des cylindres oxford contenant 50 à 200 µl d'extraits à l'acétate d'éthyle ont été placés sur les boîtes d'agar, maintenus 2 h à 4°C, puis incubés
25 pendant une nuit à 37°C.

Les extraits ne montrent pas d'effet inhibiteur sur la croissance de *B. pumilus* ATCC 14884.

- b) L'analyse par ccm par révélation chimique a été effectuée selon les conditions décrites à l'exemple 4 en
30 utilisant comme standards l'érythromycine A, l'érythronolide B ainsi que le 6-désoxyérythronolide B.

- L'analyse par ccm montre que la souche A35G1 ne produit pas d'oléandomycine mais accumule préférentiellement un produit pourpre ayant une mobilité plus grande que
35 l'érythronolide B et voisine du 6-désoxyérythronolide B et que l'on peut attendre de la partie aglycone 8,8a-désoxy-oléandolide.

c) L'analyse par chromatographie RP-HPLC couplée à la

spectrométrie de masse a été réalisée selon les conditions décrites à l'exemple 4. Deux métabolites majeurs, dénommés M9 et M10, ont été détectés (élution à 6,12 mn et 17,23 mn respectivement). Les deux produits donnent un pic parent 5 m/z 373 et des profils de fragmentation analogues qui peuvent être en accord avec la structure [8,8a-désoxyoléandolide] H^+ . Cependant seul le temps de rétention du métabolite M10 est en accord avec la structure proposée alors que le métabolite M9 pourrait correspondre à une structure isomère ou au noyau 10 lactone ouvert.

Des expériences de complémentation des souches mutantes de *Sac. erythraea* CIII68 décrite à l'exemple 6 et BV88 décrite à l'exemple 16 ont été également réalisées en utilisant des constructions plasmidiques permettant 15 d'exprimer respectivement chacun des gènes *oleG1* et *oleG2*.

Ces observations et l'absence de détection d'oléandrosyl 8,8a-désoxyoléandolide ou de désosaminy 8,8a-désoxyoléandolide indiquent que le gène *oleG1* code pour la désosaminyl-transférase et le gène *oleG2* code pour l'oléandrosyltransférase 20 respectivement impliquées dans la biosynthèse de l'oléandomycine.

PREPARATION DE L'EXEMPLE 30 : Thymidine 5'-(trihydrogéné diphosphate), P'-[3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylohexopyranosyl]ester, N,N-diéthyléthamine

25 **STADE A** : chlorhydrate 3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylohexopyranose

On ajoute sous agitation et à température ambiante 146,6 g d'érythromycine A, à 1,5 litres d'acide chlorhydrique 6N. On porte la solution obtenue au reflux pendant 2 h. On 30 refroidit à la température ambiante, filtre et lave à l'eau le résidu obtenu. On extrait la phase aqueuse au chlorure de méthylène, puis à l'éther sulfurique. On ajoute à la phase aqueuse 10 g de noir L₂S et chasse les traces d'éther sous pression réduite. On filtre, et concentre. On effectue un 35 second envoi dans les mêmes conditions. On rassemble les deux essais, dissout dans l'éthanol (150 cm³), ajoute 150 cm³ d'éther éthylique. On essore, lave et sèche les cristaux obtenus. On obtient 42 g de produit recherché. F = 158-160°C.

STADE B : 3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylo-hexopyranose,1,2-diacétate

- On ajoute sous agitation à 20°C, 60 cm³ de triéthylamine dans un mélange renfermant 15,27 g de produit du stade A et 150 cm³ de chlorure de méthylène. On ajoute à 20°C une solution renfermant 20 cm³ d'anhydride acétique et 80 cm³ de chlorure de méthylène. On agite à la température ambiante pendant 20 heures. On filtre, lave et concentre. On empâte dans l'éther sulfurique. On concentre le filtrat sous pression réduite. On chromatographie le résidu obtenu en éluant avec le mélange acétate d'éthyle-triéthylamine (95-5). On obtient 18,6 g de produit recherché que l'on utilise tel quel dans le stade suivant.

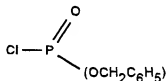
STADE C : 3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylo-hexopyranose,2-acétate

- On porte à 50°C un mélange renfermant 18,6 g du produit du stade B et 50 cm³ de DMF et ajoute 6,62 g d'acétate d'hydrazine NH₂NH₂, ACOH. On agite le mélange réactionnel et le verse sur une solution saturée de carbonate acide de sodium. On extrait la phase aqueuse à l'acétate d'éthyle. On rassemble les phases organiques, sèche, filtre et concentre. On distille sous pression réduite pour éliminer le DMF par entraînement azéotrophique avec le toluène. On obtient 11,28 g de produit que l'on chromatographie sur silice en éluant avec le mélange acétate d'éthyle-triéthylamine (90-10). On obtient 6,5 g de produit recherché que l'on utilise tel quel dans le stade suivant.

STADE D : 3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylo-hexopyranose,2-acétate bis(phénylméthyl)phosphate

- On ajoute à -70°C, 5,7 cm³ d'une solution de n-butyl-lithium dans l'hexane dans une solution renfermant 1,738 g du produit du stade précédent et 40 cm³ de THF. On ajoute à -70~-75°C 10 g de dibenzylphosphochlorure préparé extemporanément (J. Chem. Soc. 1958, p. 1957),

35



en solution dans 20 cm³ de THF. On maintient l'agitation pendant 1 h 30 entre -70 et -74°C. On verse sur une solution saturée de carbonate acide de sodium, extrait à l'acétate d'éthyle. On sèche la phase organique sur sulfate de sodium, 5 filtre et concentre. On chromatographie le produit obtenu sur silice en éluant avec le mélange acétone-chlorure de méthylène (5-5). On obtient 1,070 g du produit recherché.

STADE E : 3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylo-hexopyranose,1-(dihydrogen phosphate),N,N-diéthyléthanamine

10 On place sous agitation et sous courant d'hydrogène pendant 30 minutes à la température ambiante, un mélange renfermant 1,070 g du produit du stade précédent, 20 cm³ d'acétate d'éthyle, 10 cm³ de méthanol, 0,622 cm³ de triéthylamine et 200 mg de palladium sur charbon. On filtre, lave au 15 méthanol et à l'acétate d'éthyle et concentre le filtrat. On obtient 1 g d'une huile à laquelle on ajoute 10 cm³ de méthanol. On agite la solution obtenue pendant 20 heures. On chasse le méthanol sous pression réduite à 30°C. On obtient 680 g de produit recherché.

20 STADE F : 3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylo-hexopyranose,1-(dihydrogen phosphate)

On dissout 420 mg du produit isolé sous forme de sels de triéthylamine, obtenu au stade précédent, dans 1,6 cm³ de méthanol. On ajoute 3,2 cm³ d'éther sulfurique. On ajoute 25 ensuite 6,4 cm³ d'éther sulfurique. On obtient 250 mg de produit recherché fondant à 242-244°C.

STADE G : Thymidine 5'-(trihydrogen diphosphate),P'-[3,4,6-tridéoxy-3-(diméthylamino)-D-xylo-hexopyranosyl]ester,N,N-diéthyléthanamine

30 On mélange 228 mg du produit de la préparation 1, 6 cm³ de pyridine et 544 mg de thymidine 5'-monophosphate morpholide-4-morpholine-NN'-dicyclohexylcarboxamidine. On chasse la pyridine sous pression réduite au rotorvapor en maintenant la température à 30°C ou en dessous. On ajoute 6 cm³ de pyridine 35 que l'on chasse sous pression réduite. On répète l'opération 2 fois. On ajoute 6 cm³ de pyridine, 105 mg de 1H-tétrazole. On agite pendant 3 jours à la température ambiante. On chasse la pyridine sous pression réduite. On reprend dans l'eau,

filtre, concentre et obtient un produit que l'on purifie par chromatographie. On obtient ainsi le produit recherché.

rf = 0,12 éluant CH_2Cl_2 , MeOH, H_2O (60-35-6).

5 Références bibliographiques :

Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ (1990)
J Mol Biol 215 : 403-410.

- 10 Ausubel FM, Brent R, Kingston RE, Moore DD, Seidman JG, Smith JA Struhl K (1995) Current protocols in molecular biology. Massachusetts General Hospital and Harvard medical School. John Wiley and Sons, Inc.

- 15 Bankier AT, Weston KM, Barrell BG (1987) Methods in Enzymology 155 : 51-93.

Bevitt DJ, Cortes J, Haydock SF and Leadlay PF, (1992), Eur. J. Biochem 204 : 39-49.

20

Caffrey P, Bevitt DJ, Staunton J, Leadlay PF (1992) FEBS 304 : 225-228.

Cortés J, Haydock SF, Roberts GA, Bevitt DJ, Leadlay PF

- 25 (1990) Nature 348 : 176-178.

Devereux J, Haeberli P, Smithies O (1984) Nucl Acids Res 12 : 387-395.

- 30 Dhillon N, Hale RS, Cortes J, Leadlay PF (1989) Mol Microbiol 3 : 1405-1414.

Dickens ML, Ye J, Strohl WR (1996) J Bacteriol 178 : 3384-3388.

35

Donadio S, Stassi J, McAlpine JB, Staver MJ, Sheldon PJ, Jackson M, Swanson SJ, Wendt-Pienkowski E, Wang YG, Jarvis B, Hutchinson CR, Katz L (1993) In : Baltz RH, Hegeman GD,

Skatrud PL (eds) Industrial Microorganisms : Basic and Applied Molecular Genetics : American Society for Microbiology, Washington, DC, 257-265.

- 5 Gandechea AR, Large SL, Cundliffe E (1997) Gene 184 : 197-203.

Haydock SF, Dowson JA, Dhillon N, Roberts GA, Cortes J, Leadlay PF (1991) Mol Gen Genet 230 : 120-128.

- 10 Hessler PE, Larsen PE, Constantinou AI, Schram KH, Weber JM, Appl Microbiol. Biotechnol (1997), 47 : 398-404.

Hopwood DA, Kieser T, Wright HM and Bibb MJ, Journal of General Microbiology (1983), 129, 2257-2269.

- 15 Hopwood DA, Bibb MJ, Chater KF, Kieser T, Bruton C, Kieser HM, Lydiate DJ, Smith CP, Ward JM, Schremp H (1985) Genetic manipulation of Streptomyces. A laboratory Manual. John Innes Foundation, Norwich.

- 20 Kaneda T, Butte JC, Taubman B, Corcoran JW (1962) J Biol Chem 237 : 322-327.

Katz E, Thompson CJ, Hopwood DA (1983) J Gen Microbiol 129 : 2703-2714.

25

Korz DJ, Rinas U, Hellmuth K, Sanders EA, Deckwer W-D (1995) Journal of Biotechnology 39 : 59-65.

- Katz L, Donadio S (1995) Macrolides. In : Vining LC, Stuttard C (eds). Genetics and Biochemistry of Antibiotic Production. Butterworth-Heinemann, Newton, MA, 385-420.

Liu H-W, Thorson JS (1994) Annu Rev Microbiol 48 : 223-56.

- 35 Otten SL, Liu X, Ferguson J, Hutchinson CR (1995) J Bacteriol 177 : 6688-6692.

Sakakibara H and Omura S (1984). In : Omura S. (ed) Macrolide

Antibiotics : Chemistry, Biology, and Practice. Academic Press, Inc. London, 85-125.

Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T (1989) Molecular cloning: a laboratory manual, 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y.

Sanger F, Nicklen S, Coulson AR (1977) Proc Natl Acad Sci USA 74 : 5463-5467.

10

Scotti C, Hutchinson CR (1996) J Bacteriol 178 : 7316-7321.

Scrutton NS, Berry A, Perham RN (1990) Nature 343 : 38-43.

15 Staden R (1984), Nucleic Acids Res 12 : 521-528.

Stassi D, Donadio S, Staver MJ, Katz L (1993) J Bacteriol 175 : 182-189.

20 Stemmer WPC (1994) Proc. Natl. Acad. Sci., Vol. 91, pp. 10747-10751.

Stockmann M, and Piepersberg W (1992) FEMS Microbiol Lett 90 : 185-190.

25

Swan D.G., Rodriguez A.M., Vilches C., Méndez C., Salas J.A., (1994) Mol Gen Genet 242 : 358-362.

Ward JM, Janssen GR, Kieser T, Bibb MJ, Buttner MJ, Bibb MJ 30 (1986) Mol. Gen. Genet. 203 : 468-475

Weber JM, Wierman CK, Hutchinson CR (1985) J Bacteriol 164 : 425-433.

35 Weber JM, Losick R (1988) Gene 68 : 173-180.

Weber JM, Schoner B, Losick R (1989) Gene 75 : 235-241.

Weber JM, Leung JO, Maine GT, Potenz RHB, Paulus TJ, DeWitt JP (1990) J Bacteriol 172 : 2372-2383.

Weber JM, Leung JO, Swanson SJ, Idler KB, McAlpine JB (1991)
5 Science 252 : 114-117.

Wehmeier UF (1995) Gene 165 : 149-150.

Wierenga RK, Terpstra P, Hol WGJ (1986) J. Mol. Biol. 187 :
10 101-107.

Yamamoto H, Maurer KH, Hutchinson CR (1986) J Antibiot 34 :
1304-1313.

Texte libre de la liste de séquences

SEQ ID NO: 1:
/function= "implique dans la biosynthese du mycarose"
5 /gene= "eryBII"
/function= "implique dans la biosynthese de la desosamine"
/gene= "eryCII"

SEQ ID NO: 4:
10 /function= "implique dans la biosynthese de la desosamine"
/gene= "eryCIII"
/note= "SEQ ID NO 1 DE 1046 A 2308"

SEQ ID NO: 6:
15 /function= "implique dans la biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBIV"
/transl_except= (pos: 242 .. 244, aa: Met)
/function= "implique dans la biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBV"
20 /transl_except= (pos: 1210 .. 1212, aa: Met)
/function= "implique dans la biosynthese de la desosamine"
/gene= "eryCVI"
/function= "implique dans la biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBVI"
25 /transl_except= (pos: 3308 .. 3310, aa: Met)
/function= "implique dans la biosynthese de la desosamine"
/gene= "eryCV"
/function= "implique dans la biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBVII"
30 /transl_except= (pos: 7578 .. 7580, aa: Met)

SEQ ID NO: 13:
/function= "implique dans la biosynthese de la desosamine"
/gene= "eryCIV"
35 /note= "SEQ ID NO 6 DE 4837 A 6039"

SEQ ID NO: 15:
/gene= "oleP1"

```
/function= "glycosylation de 8,8a-desoxyoleandolide"  
/gene= "oleG1"  
/transl_except= (pos: 1437 .. 1439, aa: Met)  
/function= "glycosylation de 8,8a-desoxyoleandolide"  
5 /gene= "oleG2"  
/gene= "oleY"  
  
SEQ ID NO: 20:  
/gene= "oleM"  
10 /note= "SEQ ID NO 15 DE 3992 A 4729"  
  
SEQ ID NO: 22 à SEQ ID NO: 60  
/desc = "OLIGONUCLEOTIDE"  
  
15 SEQ ID NO: 61:  
/note= "SEQ ID NO 11 DE 38 A 50"
```

REVENDICATIONS

- 1) Séquence d'ADN simple ou double brin isolée, représentée à la figure 2 (séquence directe ou complémentaire de SEQ ID N° 1) correspondant à la région *eryG-eryAIII* du cluster de 5 gènes de la biosynthèse de l'érythromycine.
- 2) Séquence d'ADN selon la revendication 1 comprenant :
- la séquence *eryBII* correspondant à l'ORF7 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046) et codant pour une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose
- 10 2,3-réductase,
- la séquence *eryCIII* correspondant à l'ORF8 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) et codant pour une désosaminyltransférase et
 - la séquence *eryCII* correspondant à l'ORF9 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide
- 15 3404) et codant pour une dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase.
- 3) Séquence d'ADN isolée représentée à la figure 2 choisie parmi la séquence *eryBII* correspondant à l'ORF7 (séquence
- 20 complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046), la séquence *eryCIII* correspondant à l'ORF8 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) ou la séquence *eryCII* correspondant à l'ORF9 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au
- 25 nucléotide 3404) et les séquences qui hybrident et/ou présentent des homologies significatives avec cette séquence ou des fragments de celle-ci et ayant la même fonction.
- 4) Séquence d'ADN isolée *eryCIII* représentée à la figure 2 correspondant à l'ORF8 (séquence complémentaire de SEQ ID
- 30 N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308 = séquence complémentaire de SEQ ID N° 4) et codant pour une désosaminyl transférase.
- 5) Polypeptide codé par l'une des séquences d'ADN selon l'une des revendications 1 à 4.
- 35 6) Polypeptide selon la revendication 5 correspondant à une ORF représentée à la figure 2, choisie parmi l'ORF7 (ayant la séquence de SEQ ID N° 2), l'ORF8 (ayant la séquence de SEQ ID N° 5) ou l'ORF9 (ayant la séquence de SEQ ID N° 3) et les

analogues de ce polypeptide.

- 7) Polypeptide selon la revendication 5 correspondant à l'ORF8 représentée à la figure 2 (ayant la séquence de SEQ ID N° 5) et ayant une activité désosaminyltransférase, dénommée 5 EryCIII.
- 8) Séquence d'ADN isolée représentée à la figure 3 (séquence de SEQ ID N° 6) correspondant à la région *eryAI-eryK* du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine.
- 9) Séquence d'ADN selon la revendication 8 comprenant :
- 10 - la séquence *eryBIV* correspondant à l'ORF13 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207) et codant pour une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
- la séquence *eryBV* correspondant à l'ORF14 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454) et codant pour 15 une mycarosyltransférase,
- la séquence *eryCVI* correspondant à l'ORF15 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220) et codant pour une dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
- la séquence *eryBVI* correspondant à l'ORF16 (séquence de SEQ 20 ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide 4837) et codant pour une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
- la séquence *eryCIV* correspondant à l'ORF17 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039) et codant pour une dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
- 25 - la séquence *eryCV* correspondant à l'ORF18 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) et codant pour une dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase et
- la séquence *eryBVII* correspondant à l'ORF19 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) et codant 30 pour une dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase.
- 10) Séquence d'ADN isolée représentée à la figure 3 choisie parmi la séquence *eryBIV* correspondant à l'ORF13 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207), la séquence *eryBV* correspondant à l'ORF14 (séquence de SEQ ID 35 N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454), la séquence *eryCVI* correspondant à l'ORF15 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220), la séquence *eryBVI* correspondant à l'ORF16 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléo-

- tide 3308 au nucléotide 4837), la séquence eryCIV correspondant à l'ORF17 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039), la séquence eryCV correspondant à l'ORF18 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) ou la séquence eryBVII correspondant à l'ORF19 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) et les séquences qui hybrident et/ou présentent des homologies significatives avec cette séquence ou des fragments de celle-ci et ayant la même fonction.
- 10 11) Séquence d'ADN isolée eryBV représentée à la figure 3 correspondant à l'ORF14 (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454) et codant pour une mycarosyltransférase.
- 12) Polypeptide codé par l'une des séquences d'ADN selon 15 l'une des revendications 8 à 11.
- 13) Polypeptide selon la revendication 12 correspondant à une ORF représentée à la figure 3, choisie parmi l'ORF13 (ayant la séquence de SEQ ID N° 7), l'ORF14 (ayant la séquence de SEQ ID N° 8), l'ORF15 (ayant la séquence de SEQ ID N° 9), 20 l'ORF16 (ayant la séquence de SEQ ID N° 10), l'ORF17 (ayant la séquence de SEQ ID N° 14), l'ORF18 (ayant la séquence de SEQ ID N° 11) ou l'ORF19 (ayant la séquence de SEQ ID N° 12) et les analogues de ce peptide.
- 14) Polypeptide selon la revendication 12 correspondant à 25 l'ORF14 représentée à la figure 3 (ayant la séquence de SEQ ID N° 8) et ayant une activité mycarosyltransférase, dénommé EryBV.
- 15) Utilisation d'au moins l'une des séquences d'ADN choisie parmi les séquences eryBII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046), eryCIII (séquence 30 complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) ou eryCII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide 3404) représentées à la figure 2, eryBIV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 35 au nucléotide 1207), eryBV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 1210 au nucléotide 2454), eryCVI (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220), eryBVI (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide

4837), eryCIV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039), eryCV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) ou eryBVII (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) représentée à la 5 figure 3, pour synthétiser des métabolites secondaires hybrides chez *Sac. erythraea*.

16) Utilisation d'au moins l'une des séquences d'ADN choisie parmi les séquences eryBII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 48 au nucléotide 1046), eryCIII (séquence 10 complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308) ou eryCII (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 2322 au nucléotide 3404) représentées à la figure 2, eryBIV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 242 au nucléotide 1207), eryBV (séquence de SEQ ID N° 6 du 15 nucléotide 1210 au nucléotide 2454), eryCVI (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 2510 au nucléotide 3220), eryBVI (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 3308 au nucléotide 4837), eryCIV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 4837 au nucléotide 6039), eryCV (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 6080 au nucléotide 7546) ou eryBVII (séquence de SEQ ID N° 6 du nucléotide 7578 au nucléotide 8156) représentée à la figure 3 ou d'un fragment de cette séquence, comme sondes d'hybridation.

17) Utilisation de la séquence d'ADN eryCIII représentée à la 25 figure 2 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1 du nucléotide 1046 au nucléotide 2308 = séquence complémentaire de SEQ ID N° 4) comme sonde d'hybridation pour isoler des gènes homologues responsables de la glycosylation de la macrolactone chez une souche productrice de macrolide.

30 18) Utilisation selon la revendication 17 dans laquelle les gènes homologues sont les gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine chez *S. antibioticus*.

19) Séquence d'ADN isolée représentée à la figure 22 (séquence de SEQ ID N° 15) correspondant à une région du 35 cluster de gènes de la biosynthèse de l'oléandomycine comprenant :

- la séquence correspondant à l'ORF oleP1 du nucléotide 184 au nucléotide 1386,

- la séquence correspondant à l'ORF *oleG1* du nucléotide 1437 au nucléotide 2714 codant pour une activité glycosyltransférase,
 - la séquence correspondant à l'ORF *oleG2* du nucléotide 2722 au nucléotide 3999 codant pour une activité glycosyltransférase,
 - la séquence correspondant à l'ORF *oleM* du nucléotide 3992 au nucléotide 4720 (= séquence de SEQ ID N° 20) et
 - la séquence correspondant à l'ORF *oleY* du nucléotide 4810 au nucléotide 5967.
- 20) Séquence d'ADN isolée représentée à la figure 22 choisie parmi la séquence correspondant à l'ORF *oleG1* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714 codant pour une activité glycosyltransférase et la séquence
- 15 correspondant à l'ORF *oleG2* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 2722 au nucléotide 3999) codant pour une activité glycosyltransférase.
- 21) Séquence d'ADN isolée selon la revendication 20 correspondant à l'ORF *oleG1* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide
- 20 1437 au nucléotide 2714) codant pour une activité désosaminyltransférase.
- 22) Séquence d'ADN isolée selon la revendication 20 correspondant à l'ORF *oleG2* (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 2722 au nucléotide 3999) codant pour une activité
- 25 oléandrosyltransférase.
- 23) Polypeptide codé par la séquence d'ADN correspondant à l'ORF *oleG1* et ayant une activité désosaminyltransférase (séquence de SEQ ID N° 17).
- 24) Polypeptide codé par la séquence d'ADN correspondant à
- 30 l'ORF *oleG2* et ayant une activité oléandrosyltransférase (séquence de SEQ ID N° 18).
- 25) Procédé de préparation de métabolites secondaires hybrides chez *Sac. erythraea* dans lequel :
- on isole une séquence ADN contenant au moins une séquence
- 35 *eryB* ou une séquence *eryC* du cluster de gènes de la biosynthèse de l'érythromycine représentée à la figure 2 (séquence complémentaire de SEQ ID N° 1) ou à la figure 3 (séquence de SEQ ID N° 6),

- on crée une modification dans la dite séquence et on obtient une séquence altérée,
 - on intègre la séquence altérée dans le chromosome de la souche hôte et on obtient une souche modifiée,
- 5 - on cultive la souche modifiée dans des conditions permettant la formation du métabolite secondaire hybride et
- on isole le métabolite secondaire hybride.
- 26) Procédé selon la revendication 25 dans lequel la séquence ADN code pour l'une des enzymes choisie parmi une
- 10 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase,
- désosaminyltransférase,
 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase,
 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
 - mycarosyltransférase,
- 15 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
 - dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase ou
 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase.
- 20 27) Procédé selon la revendication 25 dans lequel l'altération de la séquence résulte dans l'inactivation d'au moins l'une des enzymes choisie parmi une
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase,
 - désosaminyltransférase,
- 25 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase,
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
 - mycarosyltransférase,
 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
- 30 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
- dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase ou
 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase.
- 28) Procédé selon la revendication 27 dans lequel l'enzyme inactivée est une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase.
- 35 29) Procédé selon la revendication 27 dans lequel l'enzyme inactivée est une dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase.
- 30) Procédé selon la revendication 27 dans lequel l'enzyme inactivée est une mycarosyltransférase.

- 31) Procédé selon la revendication 27 dans lequel l'enzyme inactivée est une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase.
- 32) Procédé selon la revendication 25 dans lequel le métabolite secondaire hybride isolé est un analogue de 5 l'érythromycine choisi parmi la 4"-céto-érythromycine, la 4'-hydroxy-érythromycine ou la 3"-C-désméthyl-2",3"-ène-érythromycine.
- 33) Procédé selon la revendication 25 dans lequel le métabolite secondaire hybride isolé est le désosaminyl 10 érythronolide B.
- 34) Souche de *Sac. erythraea* modifiée dans laquelle au moins l'une des enzymes choisie parmi une
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase,
 - désosaminyltransférase,
- 15 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,4-isomérase,
- dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase,
 - mycarosyltransférase,
 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3-N-méthyltransférase,
 - dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-déshydratase,
- 20 - dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase,
- dTDP-D-4,6-didésoxyhexose 3,4-réductase ou
 - dTDP-4-céto-D-6-désoxyhexose 3,5 épimérase
- est inactivée et produisant au moins un métabolite secondaire hybride.
- 25 35) Souche de *Sac. erythraea* modifiée (BII92) dans laquelle une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 2,3-réductase est inactivée et produisant la 3"-C-désméthyl-2",3"-ène-érythromycine C.
- 36) Souche de *Sac. erythraea* modifiée (BIV87) dans laquelle une dTDP-4-céto-L-6-désoxyhexose 4-réductase est inactivée et 30 produisant la 4"-céto-érythromycine.
- 37) Souche de *Sac. erythraea* modifiée (CIV89) dans laquelle une dTDP-D-6-désoxyhexose 3,4-déshydratase est inactivée et produisant la 4'-hydroxyérythromycine D.
- 38) Souche de *Sac. erythraea* modifiée (BV88) dans laquelle 35 une mycarosyltransférase est inactivée et produisant du désosaminyl érythronolide B.
- 39) Procédé de préparation de précurseurs de l'oléandomycine chez *S. antibioticus* dans lequel

- on crée une altération de la séquence du gène choisie parmi la séquence d'ADN correspondant à l'ORF oleG1 (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714) et la séquence d'ADN correspondant à l'ORF oleG2 (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 2722 au nucléotide 3999) dans le chromosome d'une souche hôte et obtient une souche modifiée,
 - on cultive la souche modifiée dans des conditions permettant l'accumulation des précurseurs de l'oléandomycine et
 - on isole ces précurseurs.
- 40) Procédé selon la revendication 39 dans lequel l'altération est créée dans la séquence d'ADN correspondant à l'ORF oleG1 (séquence de SEQ ID N° 15 du nucléotide 1437 au nucléotide 2714) et dont il résulte au moins l'élimination de l'activité désaminyltransférase et l'accumulation du précurseur de l'oléandomycine 8,8a-désoxyoléandolide.
- 41) Thymidine 5'-(trihydrogène diphosphate),P'-[3,4,6-tridésoxy-3-(diméthylamino)-D-.xylo.-hexopyranosyl] ester (dTDP-D-désosamine) et les sels d'addition avec les bases.

1/60

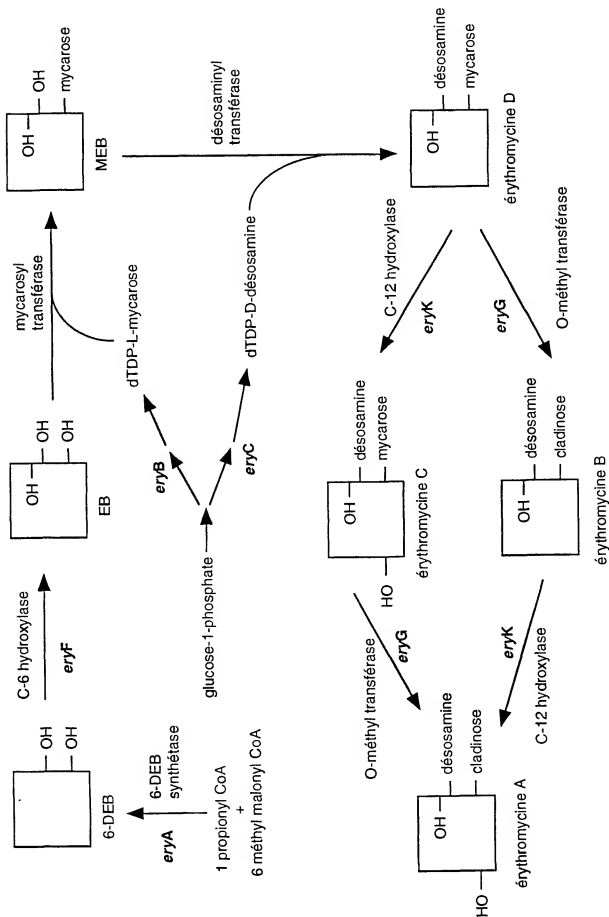


FIGURE 1

2/60

CTGCTTACGCTCACACAGCGGTATCCCTTCTCGGTTCTCTTGTGCTACTGCAACCAGG 7969
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GACGAGTCCGAGTGTCTCGCATAGGAAGAGCCAAAGGAGAACACGAGTGACGTTCGTTC
 Q K V S V * Q L W
 <---ORF6

CTTTCGGCGCCGCCCGCGGAGGCCACCGCGGGAAGATCTCTGTCAGTTGGACAGCG 8029
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GAAGCGCGCGCGCGCGCTTCGGTGGCCCTTCTAGAGCAGGTCAGCCTGTCTGC
 A E P A A G S A V A P F I E D L E S L

CCTGCTCTGTCAGGGTCATCGGACCGCTTCAGCGCGAGTCGAGCTGCTCGGGGGTTC 8089
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GGACGAGCAGGTCCAGTAGCGCTTCGGAAGTCGCGCTCAGCTCGACGAGCCCCAAG
 A Q E D L T M A S A K L A S D L Q E P T

GCGGGCGGATACGGCGCCGCGGATGCGCGGCGGAGCACCATGCGAGCCCCACCT 8149
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CGCCCGGCTACTGCGGGCGGCTACGGCCCGGCCCTGCTGTGGGTACGCTCGGGGTGA
 R P G I V A G A I G P R S L V W A L G V

CGGCGGGTCTTCGCCGAGGTTGCGGCAAGACTTCTCTGTAGGCTTCGATCGCGCGGCGCA 8209
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GCGCGCCAGAGCGGCTCCACGCGCTTTGAAGAGCATCGGAGCTAGCGGCCCGCGT
 E A P D E G L N R C F K E Y A E I A P R

GGGACGGCAACAGACCTGCGCACGGCCCTGCGCCGACTTACCCGGGTGCCCGGGCCA 8269
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCTTGGCTGTCTGTGACGGTGC CGGGACGCGGCTGAAGTGGCGCCACGGCGCGCGGT
 L S P L L V Q A R G Q A S K V A T G A A

GCTTCTCAGCGCTCCGTGACAGCGCGCGTGTGACGCGGACACAGGCGAAGACGCCGA 8329
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CGAAGGTCCGAGGCGACTGTCCGGCGGACGTCCGCGCGCTGGTCCGCTCTCGGCT
 L K E L A G S L L G G H L P S W A F V G

FIGURE 2

8750	GCTCTCGGTGTCGCCCTTGTAGAGCCGCCAGCCGTACATGTCGGCGGTGTCGAGGCAGT +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ CAGGAGCCACACCGGGAACATCTCGGGGTGCGCATGTACAGCGCCACAGTCCGTCTCA L E T H G K Y L R W G Y M D A T D L C	8809
8810	TCATGCCGGTCCCGGGCTGGTCCATCAGGCGCAGCGGTGCTGCTCTCGACGCGTC +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ ACTAGCGCCACCGGCGCCAGGTAGTCCGCGTCGCGCAGCAGCAGCAGAGTGGCAG N I G R D R A H D M L R L A D D E V R	8869
8870	CGCTGAAGTTACCGTCCGAGCCAGAGCCTGCTGTCAGCAGCGCGGAACGCCCGAGCC +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ GCGACTTCAAGTGCACGGCTCGGTCTCGGACGACCACTCGTCGCGCCTTTCGGGCTCGG G S F N V T G L W L R S T L L A S R G L	8929
8930	GCACGTGCGTCGGCGCTCGGTGTTCTATCGTGGTTCCTCTCTCTCTCGGCGCCAGTTCTC +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ CGTGACGAGCGCGCCAGCCACGATAGCACCAAGAGAGGAGGACGCCGGTCAAGGAG R V H T A A D T T M <---ORF7 * R P E R R G A A L E E	8989
8990	GCAGATGCCAGACCTCGCGCGGTGACGGCTCCGCGGACATGTCGTGCGCATCCCGCGC +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ CGTCTACGGTCTGTGAGCGCGCCACTGCCGAGCGCTCGTACAGCAGCGCGTAGGCGCG C I G V V E A P S P E A L M D D R M R A	9049
9050	CGCGCCGCGCGGTGGCGCGGTCTCTGAGGACCCGCTTACCGACTCCCGGAGCTGGTC +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ GCGGGCGCGCCACCGGCCACGAGCTCTGTGGCGAAGTGGCTGAGGGCTCGACCG A G A R H A P D D L V R K V S E R L Q D	9109
9110	GGGGGTGAGCTCGGGCACGGGCAGCGGATCCCGGCCCGAAATTCCTGCGTGGCTGCGC +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ CCCCAGTCGAGCCCGTCCCGCTCGCGTAGGGCGGGGCTTTAGGACGACACGCGCGG P T L E P V P L A I G A G F E Q T R Q A	9169

FIGURE 2

9170 GCGCAGCCGCGTCTCCAGCCGTCGGCAGGATCCTTCGGGACGCGGTGGATCGCCG 9229
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CGGTCGGGCACAGGTGCGCAGCCCGTCTCTAGTGGAGCGCGTGGGCACCTAGCGCGG
 R V G T D W G D P L I V Q P V G H I A A

 9230 GTGTGCGCAGTCCCGGCTCCGCGTGGTGCAACCGTCGCGCGCCAGTCTGCGCAGCAGCG 9289
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCACAGGTCGAGGCCAGCGCGCACACGTGGCAGCGCGGTCTCAGCGCTGTCGCG
 T H W S G P G C H H V T A A C T P L L A

 9290 GTGCATCGGACGAGCGGACCGTCCGGAGCTGTCCGGGATGTTCCGAGCGCTTCTAG 9349
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CAGGTAGCCCTGCTTCGGCTGGCAGCCCTGCAACAGGCCCTACAGCGCTGCGGAAGATC
 H M P V F G V T R V N D P I N A V G E L

 9350 CTGCTGCGCGTCTGAAGTCTCGATCTCTCGGGTCTGAGTCCGCCGACGGCACCCAGCAG 9409
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GACGACGGCAGCTTCAGCGCTACTAGAGCGCAGCTGCAGCGGCTGCGGTGGTCTGTC
 Q Q A D F T A I I E A D V D G V A G L L

 9410 CTCTCGATGGAGACCTGCCCGATGCTGTCTCGCGGCTGGAGATCCGAGCGTGAGGCA 9469
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GAGGAGTACTCTTGGACGGGTACGACAGAGCGCGGACCTCTAGGGCTCGCACTCCGT
 E I S V Q G I S N E R S S I G L T L C

 9470 CACGCGGGCGCTCGGGCTCGTCTGTGACGCCATTCGGGCACCGAGCGGCCCGTGTGA 9529
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GTGCGCGCCCGAGCCGAGCAGCAGTCCGTTAAGCCGCTGGTCCCTGCGGGGCAACAT
 V R R R E P E D H L W E P V V S P G N Y

 9530 GTGCAGCTAGCGCATCCCGACGGTCTTTCAGGCCGGTGTCTGAGCCTGATCGCGCGCGGGC 9589
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CAGCTGCATCCGGTAGGGCTGCAGAACTCCGGCCACAGCTCGGACTAGCGCGGCCCGG
 D V Y R M G V T K L G T D L R I A A P A

FIGURE 2

9590 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GGGTGCATCTCCCGGAGACCACTCTCTGTCGAAGCCGGGCCCGCTACTTT 9649
 CCCCAGCTAGCTAGGTACGGCTTCTGTGTGAGGAGCAGCTTCCGGCCCGCGGCATGAA
 P D I T W Q G V V E D F A P G G Y K
 9650 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CTCACGCTCCAGGTGAGCACTCGCGAGCGGTCTCCCGTGTCTCTCCGGCTGGTC 9709
 GAGTGCAGGTCCACTCGGTGAGCCCTGCCAGAGGGCCACGAGGAGGCCGACCCAG
 E L T W T L W E A L P D E R H E E P Q D
 9710 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GGGCAGCAGCCCGAGGAAGTTCTGCCCGCCCGGTGTGTGATGTGGGTCTCCCAACAGCAG 9769
 CCGTGTCCGCTTCTTCAAGACGGCGGGCCCACTACAGCCAGGGGTGTCTGTC
 P L L G L F N Q R A R T T I D P G W L L
 9770 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCGCGGTGCGGGCTTCCGGTCAACCGCGCGCGATGGCGCGCGAAGGTGAGCGGCTC 9829
 GCGCGCAGCCGCAAGCCAGTGGCGGCGCTACCCGCGCGCTTCCACTCGCGGAG
 R A H P T G T V A A I P A A F T L P E
 9830 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCAGATGACCAAGTCCGGCGCCACTTCCGGCAGAACGAGACCATGCTTTCGATGACGCT 9889
 GGTCCTACTGGTCCAGCCCGCGGTGAAGGCGTCTTGTCTGTGACGGAAGCTACTCGCA
 W I V L D P R W K R C F S V M G E I L T
 9890 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GTCCGGCTCATCAGGCGTGAAGTCCGGGTGACACGGTCTGCAATGCCACAGAGGTG 9949
 CAGGCCCGAGTAGTCCCGCATCTTCCAGCCCACTCTGTCCAGACGTACGGGTCTGCCAC
 D P S M L A Y F T P T L V T Q M G L L H
 9950 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CTCACAGGTCAAGTGGGGGTCCCGTCTGCTGAAGTCCAGGCTCCGGACGTAGTCGAT 10009
 GAGGTCCAGTTCCACCGCCCGAGGCGAGCGACTTCAAGTCCGAGGCCATCAGCTA
 E W T L T A P D R E S F D L S R V Y D I

7/60

10010 GATGTCGTGGCCCGTGGGTCAATGAAGTCCACGAGGTCGACGTGGTGCACCGCGGAC 10069
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CTACAGACACGGGGCGCACCCAGTACTTCAGGTGCTCCACTGACAGCCACGGCTGGCCCTG
 I D H G A H T M F D V L D V D T G V P V
 10070 GCGGTCAGCCCGCGCGGGTATGTCCTCGGTGAGCGCGGGGACGCGACACCGCGGAC 10129
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCGCCAGTCGGCGCGGCCACTACAGAGCCACTCGCGGCCCTGCTGCTGTGCTGCGCTG
 A T L G A A T I D E T L A P S A V V R V
 10130 CTGTCGCCCGCGCGGACGCCCATGCGAGGGGACGAGGCCGGAAGAGTGGCTCTT 10189
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GAGACGGGGCGCGCGCTTCGGGTAGCTCCGCCCTGCTCCGGCTTCTCCACCGAGAA
 E H G A A R F A W A L P V L G F L H S K
 10190 GCTGGCCATGAGGAGAGACGACGCGCATCGCGGTTCCTCAGAGCTCGACGGGGGAGC 10249
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CGACCGGTACCTCTTCTGCTGCGGTAGGCCCAATGAGTCTCGAGTGCCTCCCGCTCG
 S A M S S F V V R M * L E V P C
 <---ORF8
 10250 GGTGTGTTCCCGCAGGACGGGTGATCGCGGGCCGCGACACGGGCGCGCTGGCGGTGA 10309
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCAACCAAGGGCGTCTCCCTAGCCGCGCGCTGCTGGCCCGGACCGCGACT
 R N T G R L V P S R R R R V V P G S P T
 10310 GTCCGGGACGCGCTTGGCGCGGCCCGCAGTGCGGCGGTGGGAGCGCGGTGACCACT 10369
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CAGCCCGTCCGGAACCGCGCGGGCGTACGCCGACACCGTCCGGCCACTGGTGA
 L G P L A K A A R L A T A L A T V L
 10370 CCTCAGCCTGCGGGGTGGCCGATGTGCCGACAGCGCGGTGCGCGTCCGGGCGGT 10429
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GGAGTCGACGGCCCGCGCTACACGGCTGTCGCGCGAGCGCGAGCCCGCA
 E E L R G P H G R H A S L A R D A D P R

FIGURE 2

10430	CCACGTCGAGGCGGTGCGGCTCGCGGAAGACCTCGGGTCGCGGTTCGGCCGCCGCGACGA	10489
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	GGTGCAGCTCGCGACGCCGAGCGCTTCGTGAGCGCCAGCGCAACCGGGCGCGCTGCT	
	D V D L R D P E A F V E P D R N A A A V	
10490	CGACCACGACCTCCTCGCCTTCGCCGATCACGTCTGCCGAGCGCAGCTTCGCGTGG	10549
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	GCTGTGTGTGAGGAGCGGAAGCGGCTAGTCTCAGACGGCTCGGCGGTGGAGACGCCACC	
	V V V V E E G E G I V H E G L R V E A T	
10550	CGTTCGCCCGCTCCAGGTGCAATGCCCGGGTTCAGGCGCAGCACCTTCGGCGACGGTTCGCT	10609
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	GGCACGCGCGAGTCCACGTTACGGCCACGTCGCTCGTGTGAGCGCCTGCCAAGCGCA	
	A T R R E E L H L A P H L R L V E A V T R	
10610	GC CGCGCGCGGGTCTCGCGCATCTCTCGGCCAGCCCCGGTTTCGCCCGAGACGGCCA	10669
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	CGCGCGCGCGCCACAGCGCGCTAGCAAGCGGTGCGGGCGCAAGCGCGCTTCGCGGT	
	Q A A A P D A I R E A L G P E A S V A	
10670	GGACCGGTCGACCAGGTGTTGCGGGTCACTCTCGCCCCCGCGCAACAGGCGCGCAGTG	10729
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	CTTGGCGCAGCTGTGTGCCACAAAGCGCCAGTAGACCGGGCGCGCTTGTCCGGCGGTAC	
	L V A D V V T N A T M E A G A F L A R L	
10730	CGGGGTGCGCGGCGAGTGTCCCGCACCCTGCTTCGTGTACCGCGAGCTGCTCGGGCTGA	10789
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	GCCACGCGCCGCTACGGCGCTGGCGACGAAGCAGTGGCGCTCGACGACCGCCGACT	
	A P D A P L A A V A A E T V A L Q Q P S	
10790	GCTGGCGTCCAGGTGACGCGGGCGTCCACGCGCGCGCGCAGCACTCCCGGCTGCG	10849
	+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	CGACCCGCGAGTGTGCACATGCGCCCGACGAGGTGCGCGGGCGGTCTGTAGGCGCGGACCG	
	L O A D L S V R A D W A A G R L V G A A	

10850 CGAGCAGCGGGTCAATGCCCTGCACCGGTACTGCCAGGCGAAGTGC GCGACAGGTCCA
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GCTCGTCGCGCGGATACGGACGTGCCATGAGCGGTCCGCTTACAGCGCTGGTCCAGGT
 G L V A T M G Q V P V Q W A F D G V L D
 10909

10910 GCGCGCGCCCGCGCGGAGAGACCGGCGAAGCTCTCCGCCAGTTCCCGCAGACGTCGG
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CGCGCGCGCGCGCGCTCTGCTCGCGCTTCGAGAGCGGTC AAGGGCTGCAGCC
 L R A G A G F L L G A F S E A L E G V D
 10969

10970 GGACCTCGCTTCCAGAGACGCGCGTGCACGTCCCGGAACGGCTGGGGCCCACTCGGCGG
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CTTGAGCGGAAGGTCTCTCGCGCGCACGTGCAGGGCCTTGCCGACCCGGGTGAGCGCC
 P V E G E W S A A H V D R F P Q A W E A
 11029

11030 GTGGCGCGCCCGCGCGCCGATCCATTCGCGGTGTCGCTCCGGTGGCGGGGTGAACGCGG
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CACCGCGCGCGCGCGCGGTAGGTAGGCCACACGACGAGCCACCGCGCCCACTTGGCC
 P P A G A A R M W E P T R G T A R T F A
 11089

11090 GGTCTCGAGCACCTGCGCGCGGTGGGTGGTCGGCCACACCCACGTCCTCGTTCGCGGC
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 CCAGCAGCTCGTGGACGCGCGCCACCGCACCGAGCGGTGGGTGCAGAGCCACGCGG
 P D D L V Q R A T A H D A V V W T E T R
 11149

11150 TGGCGCGCACACCGGACTCGCGCATCGAGCGGTACGGCGCTCGCGGTCTGTCGTGTC
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 ACCGGCGGTGCGCTGAGCGCGTAGCTCGCATGCGCGCGACGCCCGCAGCAGCACAG
 S R V G S E R M S R Y R Q P D D H
 CGCACAGCAGCATCGGCTAGGGTCCGCTTGTCCCGTAACCCAGTGCAGGCCCGGGA
 11210
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 GCGTGTCTGTAGCCCAATCCACGCGCAACAGCGCATTTGGGGTCACTCGCGCGCT
 G C L L M P Y P D G N S G Y G W H L G R

10/60

```

11270 TCATCTGGAGCTGCCCTGCCAGCCCCGGCGCATCGGTCGTGGTCATGAATTC 11321
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
AGTAGACCTCGACGGACGGGTCTGGCGCGCTAGCCAGCACGACTTAAG
I M Q L Q R G L G A R D T T T M
<-----ORF9
* S N
<---ORF10 ...

```

FIGURE 2

11/60

43610 43630 43650
 TTTGACAGGTCCGCCACGCGTCCCCCTACTCGACGACCACGCAATGGGCGAACAATATAG
 43670 43690 43710
 GAAGGATCAAGAGGTTGACATCGCCTCGTCGAGCCAACGAACCTGTGAACATCTGCATGT
 43730 43750 43770
 TGACAAGATCAACGGCGGCTACCTACTGTGGTGGCCAGTGACGGGTTGCCGCACATCGC
 43790 43810 43830
 GCTGGGGAGATTCTTTGAATTTGCCCGTAGCACCGACCTGGAAGCGAGCAATGTCTCC
 43850 43870 43890
 GGTGAATGGGATCAGTGATTCGCCCGTCAATTGATCACCTTCTTGGCGGTTCCGGGCTT
 V N G I S D S P R Q L I T L L G A S G F
 ORF13 ---->
 43910 43930 43950
 CGTCGGGAGCGCGTTCCTGCGCGAGCTGCGCGACCAACCGGTCCGGCTGCGCGCGGTGTC
 V G S A V L R E L R D H P V R L R A V S
 43970 43990 44010
 CCGCGCGGAGCGCCCCGCGTTCGCGCCCGCGCGGAGGTCGAGGACCTGCGCGCCCGA
 R G G A P A V P P G A A E V E D L R A D
 44030 44050 44070
 CCTGCTGGAACCGGGCCGGGCGCGCGCGATCGAGGACGCCGACGTGATCGTGCACCT
 L L E P G R A A A A I E D A D V I V H L
 44090 44110 44130
 GGTGGCGCACGCAGCGGGCGGTTCCACCTGGCGCAGCGCCACCTCCGACCCGGAAGCCGA
 V A H A A G G S T W R S A T S D P E A E
 44150 44170 44190
 GCGGGTCAACGTGCGCCTGATGTCACGACTCGTCGGCGCGCTGCACGATCGCCGAGGTC
 R V N V G L M H D L V G A L H D R R R S
 44210 44230 44250
 GACGCCGCCCGTGTGTCTACGCGAGCACCGCACAGGCCGCGAACCCTGCGCGGCCAG
 T P P V L L Y A S T A Q A A N P S A A S
 44270 44290 44310
 CAGGTACGCGCAGCAGAAGACCGAGGCCGAGCGCATCCTGCGCAAAGCCACCGACGAGGG
 R Y A Q Q K T E A E R I L R K A T D E G
 44330 44350 44370
 CCGGGTGGCGGCGTGATCCTGCGGCTGCCCCGCTCTACGCCAGAGCGGCCGCTCCGG
 R V R G V I L R L P A V Y G Q S G P S G
 44390 44410 44430
 CCCCATGGGCGGGGCGTGGTTCGACGATGATCCGGCGTGCCCTCGCCGGGAGCCGCT
 P M G R G V V A A M I R R A L A G E P L
 44450 44470 44490
 CACCATGTGGCACGACGCGCGGCTGCGCCGCGACCTGCTGCACGTCGAGGACGTGGCCAC
 T M W H D G G V R R D L L H V E D V A T
 44510 44530 44550
 CGCGTTCCGCCCGCGCTGGAGCACACGACGCGCTGGCCGGCGGCACGTGGGCGCTGGG
 A F A A A L E H H D A L A G G T W A L G
 44570 44590 44610
 CGCCGACCGATCCGAGCCGCTCGGCGACATCTTCGGGGCCGTCTCCGCGAGCGTCGCCCC
 A D R S E P L G D I F R A V S G S V A R
 44630 44650 44670
 GCAGACCGGAGCCCCGCGTTCGACGTGGTACCGGTGCCCGCGCCGAGCAGCCGAGGGC
 Q T G S P A V D V V T V P A P E H A E A

FIGURE 3

12/60

44690 44710 44730
 CAACGACTTCCGCGAGCGACGACATCGACTCCACCGAGTTCGCGAGCCGGACCGGCTGGCG
 N D F R S D D I D S T E F R S R T G W R
 44750 44770 44790
 CCCCCGGGTTTCCCTCACCAGCGGCATCGACCGGACGGTGGCCGCCCTGACCCCCACCGA
 P R V S L T D G I D R T V A A L T P T E
 44810 44830 44850
 GGAGCACTAGTGGCGGTACTGCTGACGTCCTTCGCGCACCGCACGCACTTCCAGGGACTG
 E H *
 V R V L L T S F A H R T H F Q G L
 ORF14 --->
 44870 44890 44910
 GTCCCGTGGCGTGGGCGCTGCGCACCGCGGGTCACGACGTGCGCGTGGCCGCCACGCC
 V P L A W A L R T A G H D V R V A A Q P
 44930 44950 44970
 GCGCTCACCGACGCGGTTCATCGGCGCGGTCTCACCGCGGTACCGGTGCGGCTCCGACCAC
 A L T D A V I G A G L T A V P V G S D H
 44990 45010 45030
 GCGCTGTTCGACATCGTCCCGGAAGTCGCGGCTCAGGTGCACCGCTACTCCTTCTACCTG
 R L F D I V P E V A A Q V H R Y S F Y L
 45050 45070 45090
 GACTTCTACCACCGCGAGCAGGAGCTGCACTCGTGGGAGTTCCTGCTCGGCATGCAGGAG
 D F Y H R E Q E L H S W E F L L G M Q E
 45110 45130 45150
 GCCACCTCGCGGTGGGTATACCGGTGGTCAACAACGACTCCTTCGTGCGCCGAGCTGGTC
 A T S R W V Y P V V N N D S F V A E L V
 45170 45190 45210
 GACTTCGCGCCGGGACTGGCGTCTGACCTGGTGTCTGGGAGCCGTTACCTTCGCGCGG
 D F A R D W R P D L V L W E P F T F A G
 45230 45250 45270
 GCGCTCGCGGCCCGGGCTCGCGAGCCGCGCACGCCCGGCTGCTGTGGGGCAGCGACCTC
 A V A A R A C G A A H A R L L W G S D L
 45290 45310 45330
 ACCGGCTACTTCCGCGCGCGGTTCAGGCGCAACGCCTGCGACGCCGCCGAGGACCGG
 T G Y F R G R F Q A Q R L R R P P E D R
 45350 45370 45390
 CCGGACCCGCTGGGACGCTGGCTGACCGAGGTGCGGGGCGCTTCGGCGTGAATTCGGC
 P D P L G T W L T E V A G R F G V E F G
 45410 45430 45450
 GAGGACCTCGCGGTGCGGCAGTGGTGGTTCGACAGTTGCCGCGAGTTTCGGCTGGAC
 E D L A V G Q W S V D Q L P P S F F R L D
 45470 45490 45510
 ACCGGAATGGAAACCGTTGTGCGCGGACCTCGCCTACAACGGCGCGTGGTGGTTCGG
 T G M E T V V A R T L P Y N G A S V V P
 45530 45550 45570
 GACTGGCTCAAGAAGGCGAGTGCAGTCGACGATCTGCATTACCGGAGGGTTCTCCGGA
 D W L K K G S A T R R I C I T G G F S G
 45590 45610 45630
 CTCGGGCTCGCCCGGATGCCGATCAGTTTCGCGCGGACGCTCGCGCAGCTCGCGCGATT
 L G L A A D A D Q F A R T L A Q L A R F
 45650 45670 45690
 GATGCGAAATCGTGGTTACGGGTTCCGGTCCGGATACCTCCGCGGTACCGGACAACATT
 D G E I V V T G S G P D T S A V P D N I

13/60

45710 45730 45750
 CGTTTGGTGGATTTCGTTCCGATGGGCGTTCTGCTCCAGAACTGCGCGGCGATCATCCAC
 R L V D F V P M G V L L Q N C A A I I H
 45770 45790 45810
 CACGGCGGGGCGGAACTGGGCCACGGCACTGCACCACGGAATTCGCGAAATATCAGTT
 H G G A G T W A T A L H H G I P Q I S V
 45830 45850 45870
 GCACATGAATGGGATTGCATGCTACGCGGCCAGCAGACCGCGAACTGGGCGCGGGAATC
 A H E W D C M L R G Q T A E L G A G I
 45890 45910 45930
 TACCTCCGGCCGGACGAGGTCGATGCCGACTCATTTGGCGAGCGCCTCACCCAGGTGGTC
 Y L R P D E V D A D S L A S A L T Q V V
 45950 45970 45990
 GAGGACCCACCTACACCGAGAACGCGGTGAAGCTTCGCGAGGAGGCGGTGCCGACCCG
 E D P T Y T E N A V K L R E E A L S D P
 46010 46030 46050
 ACGCCGCAGGAGATCGTCCCGCGACTGGAGGAATCAGCGCGCGCCACGCGCGGTAGCGG
 T P Q E I V P R L E E L T R R H A G *
 46070 46090 46110
 TTTCCGACCGACAAGTCCGTCCGACAGCACACCTCCGGAGGGAGCAGGGATGTACGAGGG
 M Y E G
 ORF15 --->
 46130 46150 46170
 CGGGTTCGCGGAGCTTTACGACCGGTTCTACCGCGCGCGGGCAAGGACTACGCGCCGA
 G F A E L Y D R F Y R G R G K D Y A A E
 46190 46210 46230
 GGCCGCGCAGGTCGCGCGGTGTCAGAGACCGCCTGCCCTCGGCTTCCTCGTGTGCGA
 A A Q V A R L V R D R L P S A S S L L D
 46250 46270 46290
 CGTGGCCTGCGGGACCGGCACCCACCTGCGCCGGTTCGCGGACCTCTTCGACGACGTGAC
 V A C G T G T H L R R F A D L F D D V T
 46310 46330 46350
 CGGGCTGGAGCTGTGCGGCGCGATGATCGAGGTGCCCCGCGCAGCTCGGCGGCATCCC
 G L E L S A A M I E V A R P Q L G G I P
 46370 46390 46410
 GGTGCTGCAAGGCGACATGCGCGACTTCGCGCTGGATCGCGAGTTCGACGCCGTACCTG
 V L Q G D M R D F A L D R E F D A V T C
 46430 46450 46470
 CATGTTTACGCTCCATCGGGCACATGCGCGACGGCGCCGAGCTGGACCCAGGCGTGGCGTC
 M F S S I G H M R D G A E L D Q A L A S
 46490 46510 46530
 CTTGCGCCGCCACCTCGCCCCGGCGCGCTGTTGGTGGTCGAACCGTGGTGGTTCCCGGA
 F A R H L A P G G V V V V E P W W F P E
 46550 46570 46590
 GGACTTCTTCGACGGCTACGTGGCCGGTGACGTGGTGCAGCGGCGACCTGACGATCTC
 D F L D G Y V A G D V V R D G D L T I S
 46610 46630 46650
 GCGCGTCTCGCACTCCGTGCGCGCGCGCGACCCGGATGGAGATCCACTGGGTGCTGT
 R V S H S V R A G G A T R M E I H W V V
 46670 46690 46710
 GGCCGACGCGGTGAACGGTCCGCGGACCAAGTGGAGCACTACGAGATCACGCTCTTCGA
 A D A V N G P R H H V E H Y E I T L F E

14/60

46730 46750 46770
 GCGGCAGCAGTACGAGAAGGCCTTCACCGCGCGCGTTGCGCTGTGCAGTACCTGGAGGG
 R Q Q Y E K A F T A A G C A V Q Y L E G
 46790 46810 46830
 CGGACCCTCCGGACGCGGGTGTTCGTGCGGTGTGCGCGGATGACCCGTGCGTTTCGCGTTT
 G P S G R G L F V G V R G *
 46850 46870 46890
 TCCGTTCCTGGCAGAGGTGATCCGCTCCACGGGCCCTTTCCTCCCGCGTGACCGGACCCCTT
 46910 46930 46950
 ACAGTGAGTCGCGGTCTTGATCGACAACGCCCGCGGAGCAAGCGGAGCCGTTCGACGAC
 V R V L I D N A R R Q Q A E P S T T
 ORF16 --->
 46970 46990 47010
 ACCCGAGGGAGATCGATGGGTGATCGGACCGCGACCGGACGATTCGGAATCCTCGCA
 P Q G E S M G D R T G D R T I P E S S Q
 47030 47050 47070
 GACCGCAACGCGTTTCTGCTCGGCGACGGCGGAATCCCCACCGCCACGGCGGAAACCCA
 T A T R F L L G D G G I P T A T A E T H
 47090 47110 47130
 CGACTGGCTGACCCGCAACGGCGCCGAGCAGCGGCTCGAGGTGGCGCGCGTGCCTTCAG
 D W L T R N G A E Q R L E V A R V P F S
 47150 47170 47190
 CGCCATGGACCGCTGCTGCTTCCAGCCCCGAGGACGGCAGGCTCGCCCCACGAGTCCGGGGG
 A M D R W S F Q P E D G R L A H E S G R
 47210 47230 47250
 CTCTCTCTCATCGAGGGCCTGCACGTGCGGACGAACTTCGGCTGGCGGGCGGACTGGAT
 F F S I E G L H V R T N F G W R R D W I
 47270 47290 47310
 CCAGCCCATCATCGTGACGCCGAGATCGGCTTCCTCGGCCTCATCGTCAAGGAGTTCGA
 Q P I I V Q P E I G F L G L I V K E F D
 47330 47350 47370
 CGGTGTGCTGCACGTGCTGGCGCAGGCCAAGGCCGAGCCGGGCAACATCAACGCCCTCCA
 G V L H V L A Q A K A E P G N I N A V Q
 47390 47410 47430
 GCTCTCCCCGACCTGACGGCGACCGCAGCAACTACACCGGCGTCCACCGCGGCTCGAA
 L S P T L Q A T R S N Y T G V H R G S K
 47450 47470 47490
 GGTCCGGTTCATCGAGTACTTCAACGGCACGCGCCCGAGCGGATCCTCGTCGACGTGCT
 V R F I E Y F N G T R P S R I L V D V L
 47510 47530 47550
 CCAGTCCGAGCAGGGCGCGTGGTTCTTGGCAAGCGCAACCGGAACATGGTGTGTCGAGGT
 Q S E Q G A W F L R K R N R N M V V E V
 47570 47590 47610
 GTTCGACGACCTGCCCGAGCACCCGAACCTCCGGTGGCTGACCGTCGCGCAGCTGCGGGC
 F D D L P E H P N F R W L T V A Q L R A
 47630 47650 47670
 GATGCTGCACCACGACAACGTGGTGAACATGGACCTGCGCACCGTGTGCGCTGCGTCC
 M L H H D N V V N M D L R T V L A C V P
 47690 47710 47730
 GACCGCGGTGGAGCGGGACCGGGCCGACGACGTGCTCGCGCGCTGCCCGAGGGGCTCGTT
 T A V E R D R A D D V L A R L P E G S F

FIGURE 3

15/60

47750 47770 47790
 CCAGGCCCCGCTGCTGCACTCGTTTCATCGGCGCGGGCACCCCGGCCAACAAATGAACAG
 Q A R L L H S F I G A G T P A N N M N S
 47810 47830 47850
 CCTGCTGAGCTGGATCTCCGACGTGCGCGCCAGGCGCGAGTTCGTGCGAGCGCGGCCGCC
 L L S W I S D V R A R R E F V Q R G R P
 47870 47890 47910
 GCTGCCCCGACATCGAGCGCAGCGGGTGGATCCGCCGCGACGACGGCATCGAGCACGAGGA
 L P D I E R S G W I R R D D G I E H E E
 47930 47950 47970
 GAAGAAGTACTTCGACGTCTTCGGCGTTCACGGTGGCGACCAGCGACCGCGAGGTCAACTC
 K K Y F D V F G V T V A T S D R E V N S
 47990 48010 48030
 GTGGATGCAGCCGCTGCTCTCGCCCGCCAAACAACGGCCTGCTCGCCCTGCTGGTCAAGGA
 W M Q P L L S P A N N G L L A L L V K D
 48050 48070 48090
 CATCGGCGGCACGTTGCAACGCGCTGCTGCACTGCGCACCAGGCGGGCGGGATGGACGT
 I G G T L H A L V Q L R T E A G G M D V
 48110 48130 48150
 CGCCGAGCTGGCGCCTACGGTGCAGTGCACGCCGACAACCTACGCCGACGCGCCCGAGGA
 A E L A P T V H C Q P D N Y A D A P E E
 48170 48190 48210
 GTTCCGACCGGCCCTATGTGGACTACGTGTTGAACGTGCCGCGCTCGCAGGTCCGCTACGA
 F R P A Y V D Y V L N V P R S Q V R Y D
 48230 48250 48270
 CGCATGGCACTCCGAGGAGGGCGGCCGTTTACCGCAACGAGAACCGGTACATGCTGAT
 A W H S E E G G R F Y R N E N R Y M L I
 48290 48310 48330
 CGAGGTGCCCGCCGACTTCGACGCCAGTCCGCTCCCGACCACCGGTGGATGACCTTCGA
 E V P A D F D A S A A P D H R W M T F D
 48350 48370 48390
 CCAGATCACCTACCTGCTCGGGCAGACCCACTACGTCAACATCCAGCTGCGCAGCATCAT
 Q I T Y L L G H S H Y V N I Q L R S I I
 48410 48430 48450
 CGCGTGCGCCTCGGCCGTCTACACCAGGACCGCCGGATGAAACGCGCGCTGACCGACCTG
 A C A S A V Y T R T A G *
 M K R A L T D L
 ORF17 --->
 48470 48490 48510
 GCGATCTTCGGGCGGCCCCGAGGCATTCTTGCACACCCCTCTACGTGGGCGAGGCCGACCGTC
 A I F G G P E A F L H T L Y V G R P T V
 48530 48550 48570
 GGGGACCGGGAGCGGTTCTTCGCCCGCCTGGAGTGGCGCTGAACAACAACATGGTGACC
 G D R E R F F A R L E W A L N N N W L T
 48590 48610 48630
 AACCGCGGACCACTGGTGCAGTTCGAGGGCGGGTTCGCCGACCTGGCGGGTGTCCGC
 N G G P L V R E F E G R V A D L A G V R
 48650 48670 48690
 CACTGCGTGGCCACCTGCAACGCGACGGTTCGCGCTGCAACTGGTGCTGCGCGCAGCGAC
 H C V A T C N A T V A L Q L V L R A S D
 48710 48730 48750
 GTGTCCGGCGAGGTGCTCATGCTTCGATGACGTTTCGCGGCCACCGCGCACGCGCGGCGAGC
 V S G E V V M P S M T F A A T A H A A S

FIGURE 3

16/60

48770 48790 48810
 TGGCTGGGGCTGGAACCGGTGTCTTCGCGAGCTGGACCCGAGACCGGCTGCTCGACCCC
 W L G L E P V F C D V D P E T G L L D P
 48830 48850 48870
 GAGCAGCTCGCGTCTGGTGACACCGCGGACGGCGCGATCATCGGCGTGCACCTGTGG
 E H V A S L V T P R T G A I I G V H L W
 48890 48910 48930
 GGCAGGCCCCGTCCGGTTCGAGGCGCTGGAGAAGATCGCCGCCGAGCACCAGGTCAAACCTC
 G R P A P V E A L E K I A A E H Q V K L
 48950 48970 48990
 TTCTTCGACGCCGCGCACGCGCTGGGCTGCACCGCCGCGGCGGCGGCTCGGCGCCTTC
 F F D A A H A L G C T A A G G R P V G A F
 49010 49030 49050
 GGCAACGCCGAGGTGTTACGCTTCCACGCCACGAAGCGGTACCTCGTTCGAGGGCGGG
 G N A E V F S F H A T K A V T S F E G G
 49070 49090 49110
 GCCATCGTACCGACGACGGGCTGCTGGCCGACCGCATCCGCGCCATGCACAACCTTCGGG
 A I V T D D G L L A D R I R A M H N F G
 49130 49150 49170
 ATCGCACCGGACAAGCTGGTGACCGATGTCGGCACCAACCGCAAGATGAGCGAGTGCGCC
 I A P D K L V T D V G T N G K M S E C A
 49190 49210 49230
 GCGCGATGGGCGCTACCTCGCTCGACGCGCTTCGCCGAGACCAGGTGCACAACCGCCTC
 A A M G L T S L D A F A E T R V H N R L
 49250 49270 49290
 AACCACGCGCTCTACTCCGACGAGCTCCGCGACGTGCGCGGCATATCCGTGCACGCGTTC
 N H A L Y S D E L R D V R G I S V H A F
 49310 49330 49350
 GATCCTGGCGAGCAGAACAACCTACCAGTACGTGATCATCTCGGTGGACTCCGCGGCCACC
 D P G E Q N N Y Q Y V I I S V D S A A T
 49370 49390 49410
 GGCATCGACCGCGACCACTGTCAGGCGATCTCGCGAGCGGAGAAGGTTGTGGCACAACCC
 G I D R D Q L Q A I L R A E K V V A Q P
 49430 49450 49470
 TACTTCTCCCCGGGTGCCACCAAGATGCAGCCGTACCGGACCGAGCGCGCTGCGGCTG
 Y F S P G C H Q M Q P Y R T E P P L R L
 49490 49510 49530
 GAGAACACCGAACAGCTCTCCGACCGGGTGCTCGCGCTGCCCCACCGGCCCGCGGTGTCC
 E N T E Q L S D R V L A L P T G P A V S
 49550 49570 49590
 AGCGAGGACATCCGCGGGGTGTGCGACATCATCCGGCTCGCGGCCACAGCGGCGAGCTG
 S E D I R R V C D I I R L A A T S G E L
 49610 49630 49650
 ATCAACGCGCAATGGGACCAGAGGACGCGCAACGGTTCGTGACGACCTGCGCCACAAGTG
 I N A Q W D Q R T R N G S *
 49670 49690 49710
 CCAGGAGGTTTCGCTCCCCGATGAACACAACCTCGTACGGCAACCGCCAGGAAGCGGGGT
 M N T T R T A T A Q E A G V
 ORF18 --->
 49730 49750 49770
 CGCCGACGCGGCGCGCCGACGTGACCGGCGGGCGGTTCGTGCGGGCGGTGAGCTCGGA
 A D A A R P D V D R R A V V R A L S S E

17/60

49790 49810 49830
 GGTCTCCCGCGTCAACCGCGCGGTTGACGGTGACGCCGACGTGCAGGCCGCCCGGCTCGC
 V S R V T G A G D G D A D V Q A A R L A
 49850 49870 49890
 CGACCTCGCCGCGCACTACGGGGCGCACCCGTTACGCCGCTGGAGCAGACGCGTGC
 D L A A H Y G A H P F T P L E Q T R A R
 49910 49930 49950
 GCTCGGCTGGACCGCGCGGAGTTGCCCCACCTGCTCGACCTGTTCGGCCGCATCCCGGA
 L G L D R A E F A H L L D L F G R I P D
 49970 49990 50010
 CCTGGGCACCGCGTGGAGCACGGTCCGGCGGGCAAGTACTGGTCCAACACGATCAAGCC
 L G T A V E H G P A G K Y W S N T I K P
 50030 50050 50070
 GCTGGAGCCCGCAGGCGCACTGGACGCGCGGCTTACCGCAAGCCTGCCTTCCCTACAG
 L D A A G A L D A A V Y R K P A F P Y S
 50090 50110 50130
 CGTCGGCTGTACCCCGGGCGACGTGCATGTTCCGCTGCCACTTCTGCGTGCGGGTGAC
 V G L Y P G P T C M F R C H F C V R V T
 50150 50170 50190
 CGGTGCCCGCTACGAGGCCGCATCGGTCCCGCGGGCAACGAGACGCTGGCGCGCATCAT
 G A R Y E A A S V P A G N E T L A A I I
 50210 50230 50250
 CGACGAGGTGCCACGGAACAACCGAAGCGATGTACATGTCGGCGGGCTCGAGCCGCT
 D E V P T D N P K A M Y M S G G L E P L
 50270 50290 50310
 GACCAACCCCGTCTCGGCGAGCTGTTGTCGACGCCCGCGGGCGGGTTCGACCTCAC
 T N P G L G E L V S H A A G R G F D L T
 50330 50350 50370
 CGTCTACACCAACGCCTTCGCCCTCACCGAGCAGACGCTGAACCGCCAGCCCGGCCTGTG
 V Y T N A F A L T E Q T L N R Q P G L W
 50390 50410 50430
 GGAGCTGGGCGCGATCCGCACGTCCCTCTACGGGCTGAACAACGACGAGTACGAGACGAC
 E L G A I R T S L Y G L N N D E Y E T T
 50450 50470 50490
 CACCGGCAAGCGCGCGCTTTGAAACGCGTCAAGAAGAACCTGCAGGGCTTCCTGCGGAT
 T G K R G A F E R V K K N L Q G F L R M
 50510 50530 50550
 GCGCGCGAGCGGGACGCGCCGATCCGGCTCGGGCTTCAACCACATCATCTGCCGGGACG
 R A E R D A P I R L G F N H I I L P G R
 50570 50590 50610
 GGCCGACCGGCTCACCGACCTCGTGCACCTGCGGAGCTCAACGAGTCCAGCCCGCA
 A D R L T D L V D F I A E L N E S S P Q
 50630 50650 50670
 ACGGCCGCTGGACTTCGTGACGGTGCAGGACTACAGCGCGCGACGACGCGCGGCT
 R P L D F V T V R E D Y S G R D D G R L
 50690 50710 50730
 GTCGGACTCCGAGCGCAACGAGCTGCGCGAGGGCTGTTGCGGTTTCGTGACTACGCGCG
 S D S E R N E L R E G L V R F V D Y A A
 50750 50770 50790
 CGAGCGGACCCCGGCATGCACATCGACCTGGGCTACGCCCTGGAGAGCCTGCGCGGGGG
 E R T P G M H I D L G Y A L E S L R R G

FIGURE 3

18/60

50810 50830 50850
 TGTGGACGCCGAGCTGCTGCGCATCCGGCCGGAGACGATGCGTCCCACCGCGCACCCCCA
 V D A E L L R I R P E T M R P T A H P Q
 50870 50890 50910
 GGTGCGGGTGCAGATCGACCTGCTCGGCCACGTCTACCTCTACCCGCGAGGCGGGCTTCCC
 V A V Q I D L L G D V Y L Y R E A G F P
 50930 50950 50970
 GGAGCTGGAGGGGCCACCCGCTACATCGCGGGCCGGGTACCCCGCTCGACACGCTTGGG
 E L E G A T R Y I A G R V T P S T S L R
 50990 51010 51030
 CGAGGTGGTGGAGAACTTCGTGCTGGAGAACGAGGGCGTGACGCCCCGCCCGCGGACGA
 E V V E N F L E N E G V Q P R P G D E
 51050 51070 51090
 GTACTTCCTCGACGGCTTCGACCACTCGGTGACCGCACGGCTCAACCAGCTCGAACGAGA
 Y F L D G F D Q S V T A R L N Q L E R D
 51110 51130 51150
 CATCGCCGACGGGTGGGAGGACCACCGCGGCTTCCTCGCGCGAAGGTGAACCGGAGTTGC
 I A D G W E D H R G F L R G R *
 51170 51190 51210
 GAGTACGTGAGCTGGCGGTGGCGGGCGGTTTCGAGTTACCCCCGACCCGAAGCAGGACC
 V A G G F E F T P D P K Q D R
 ORF19 --->
 51230 51250 51270
 GCGCGGGCCCTGTTTCGTGTCTCCGCTGACGAGACGAGGCGTTCGTGGGCGCGGTGGGCCATC
 R G L F V S P L Q D E A F V G A V G H R
 51290 51310 51330
 GGTTCCTCCGTCGCCAGATGAACACATCGTCTCCGCCCCGGGCGTGCTGCGCGGGCTGC
 F P V A Q M N H I V S A R G V L R G L H
 51350 51370 51390
 ACTTCACCAACACCCCGCGGGGACGTGCAAGTACGTCTACTGCGCGCGCGCGCGCGCGC
 F T T T P P G Q C K Y V Y C A R G R A L
 51410 51430 51450
 TCGACGTCACTCGTCGACATCCGGGTGCGCTCGCCGACGTTTCGGGAAGTGGGACGCGGTGG
 D V I V D I R V G S P T F G K W D A V E
 51470 51490 51510
 AGATGGACACCGAGCACITCCGGGCGGTCTACTTCCCCAGGGGCACCGCGCACGCCCTTC
 M D T E H F R A V Y F P R G T A H A F L
 51530 51550 51570
 TCGCGCTTGAGGACGACACCTTGATGCTGCTACCTGGTCAGCACGCGGTACGTGGCCGAGT
 A L E D D T L M S Y L V S T P Y V A E Y
 51590 51610 51630
 ACAGCAGGCGATCGACCCGTTTCGACCCCGCGTGGGTCTGCCGTGGCCCGCGGACCTGG
 E Q A I D P F D P A L G L P W P A D L E
 51650 51670 51690
 AGGTGCTGCTCCGACCCGACACGGTGGCCGTGGACCTGGAGACCGCCAGGCGGCGAG
 V V L S D R D T V A V D L E T A R R R G
 51710 51730 51750
 GGATGCTGCCCGACTACGCCACTGCCTCGGCGAGGAGCCCGCCAGCACCGGCAGGTGAC
 M L P D Y A D C L G E E P A S T G R *
 * A S Q R P S S G A L V P L H
 <--- ORF20...

FIGURE 3

19/60

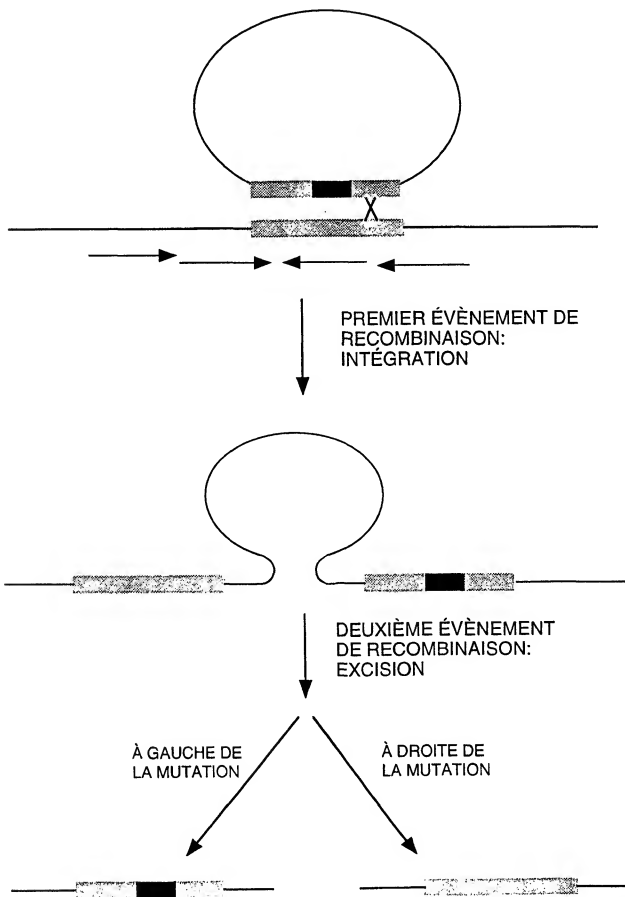


FIGURE 4

21/60

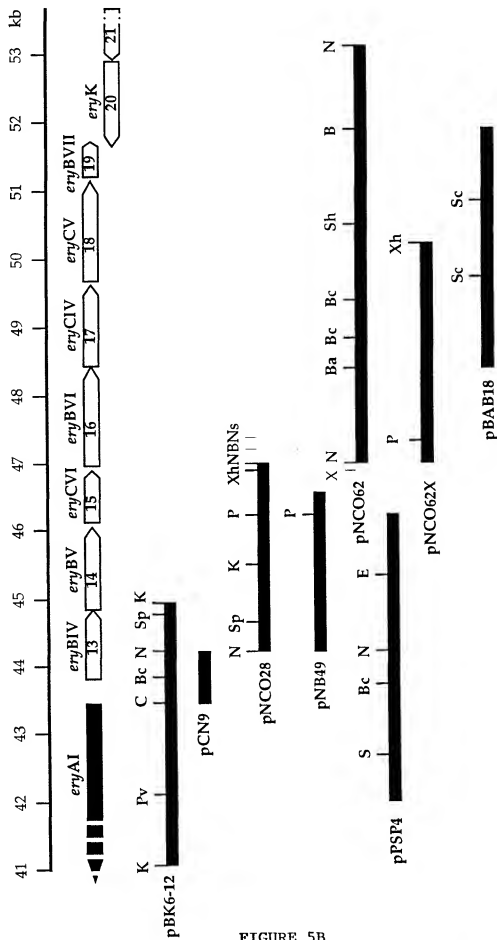


FIGURE 5B

22/60

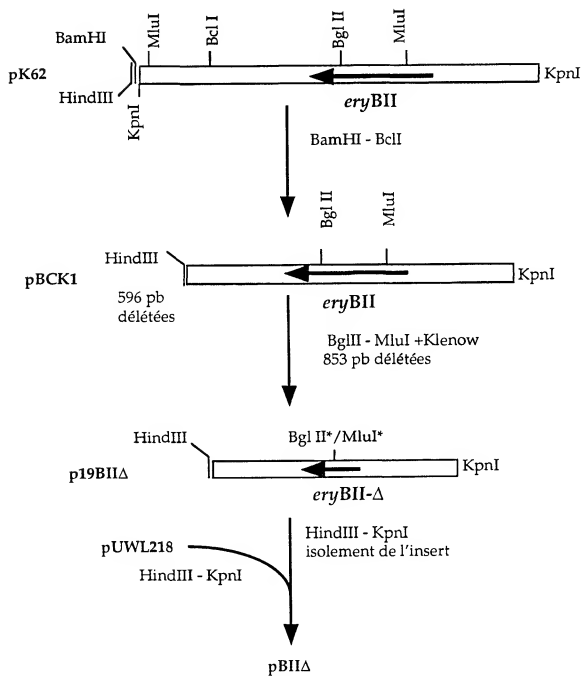


FIGURE 6A

23/60

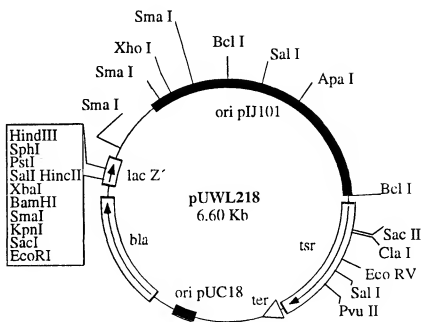


FIGURE 6B

24/60

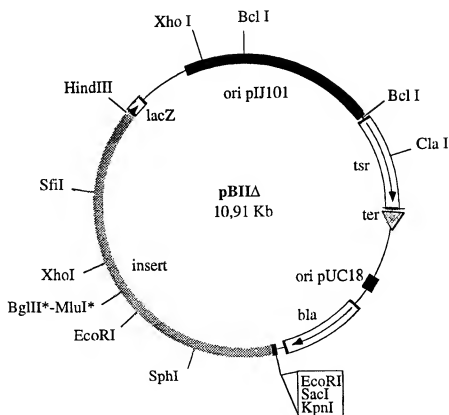


FIGURE 6C

25/60

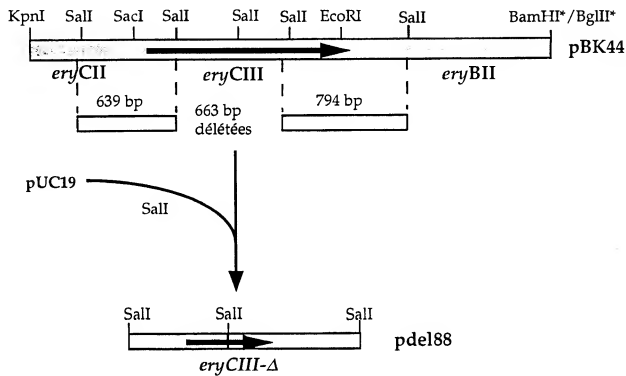


FIGURE 7A

26/60

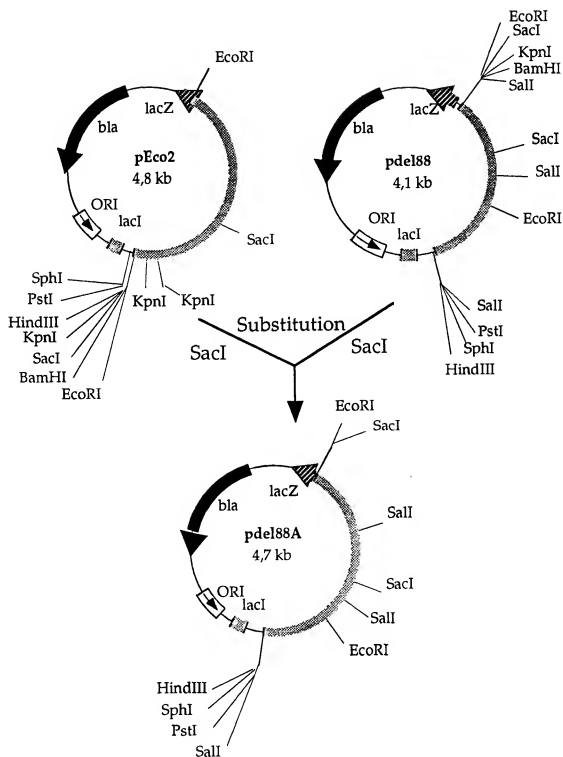


FIGURE 7B

27/60

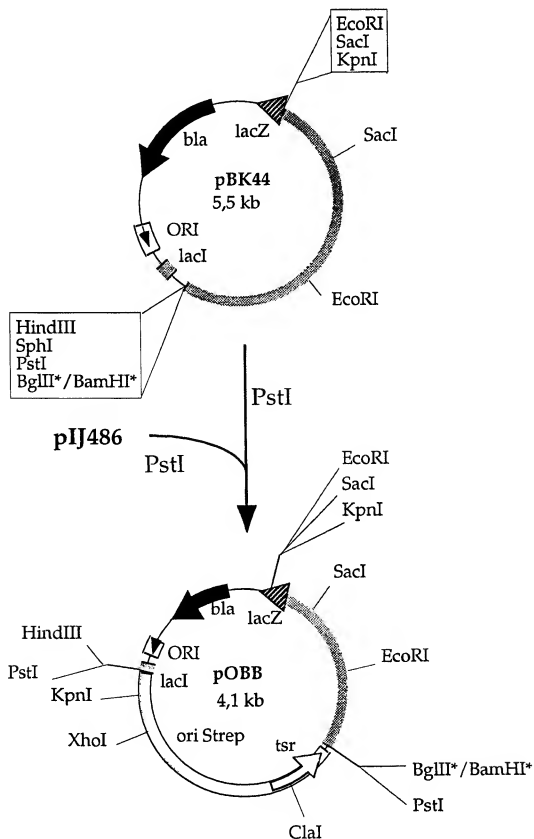


FIGURE 7C

28/60

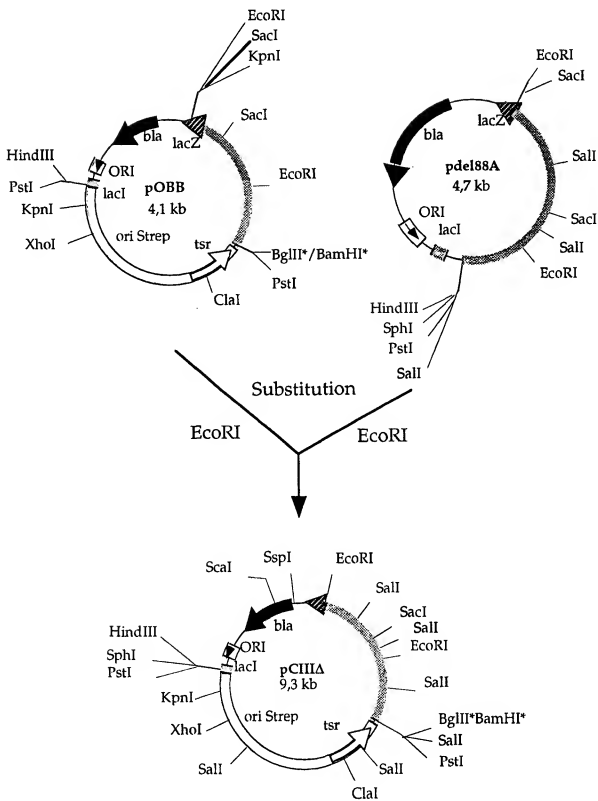


FIGURE 7D

29/60

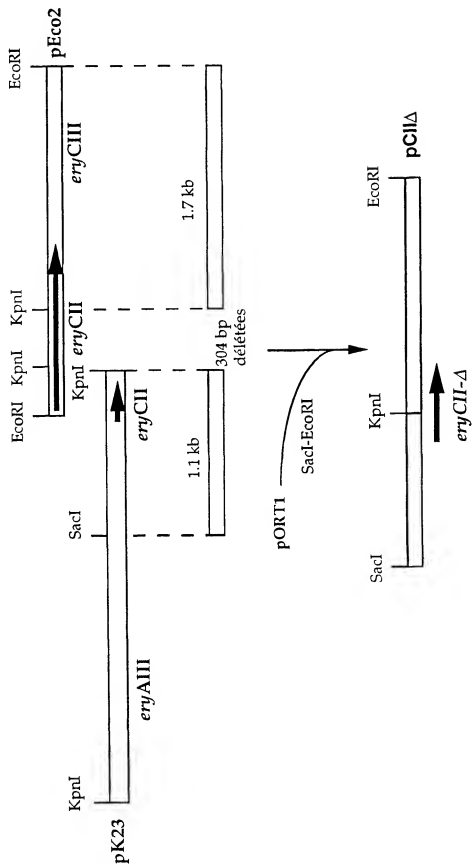


FIGURE 8A

30/60

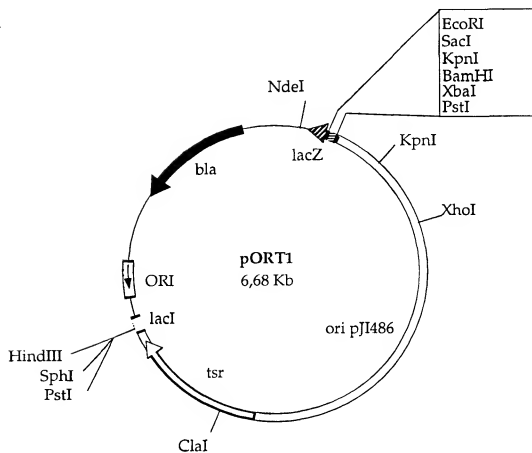


FIGURE 8B

31/60

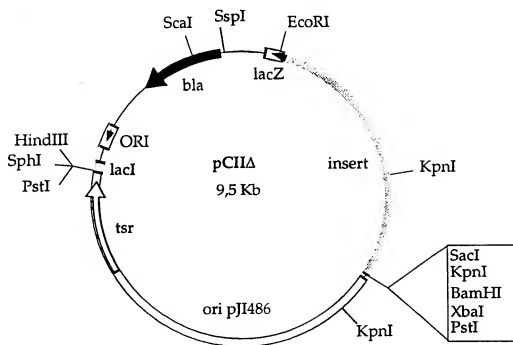


FIGURE 8C

32/60

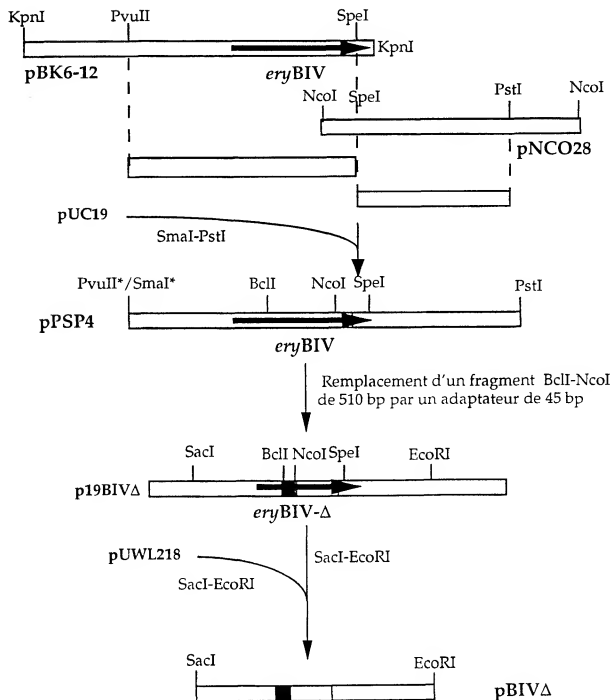


FIGURE 9A

33/60

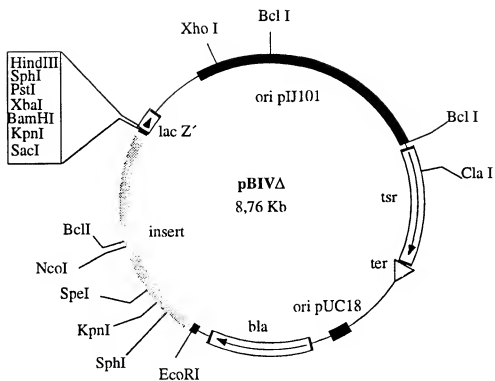


FIGURE 9B

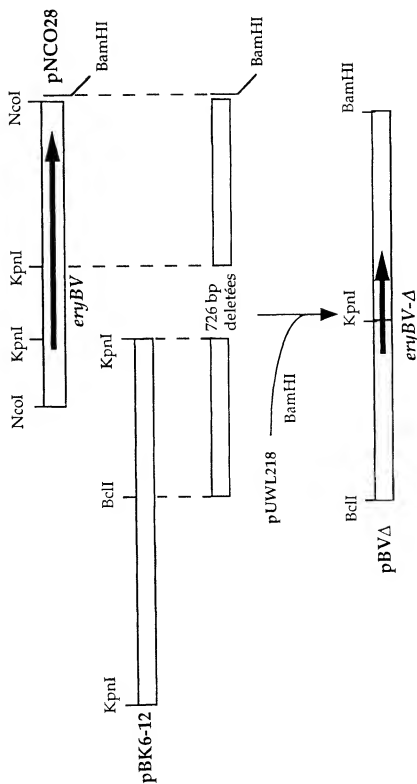


FIGURE 10A

35/60

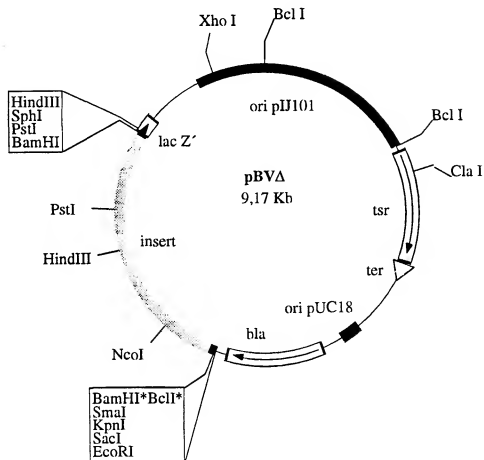


FIGURE 10B

36/60

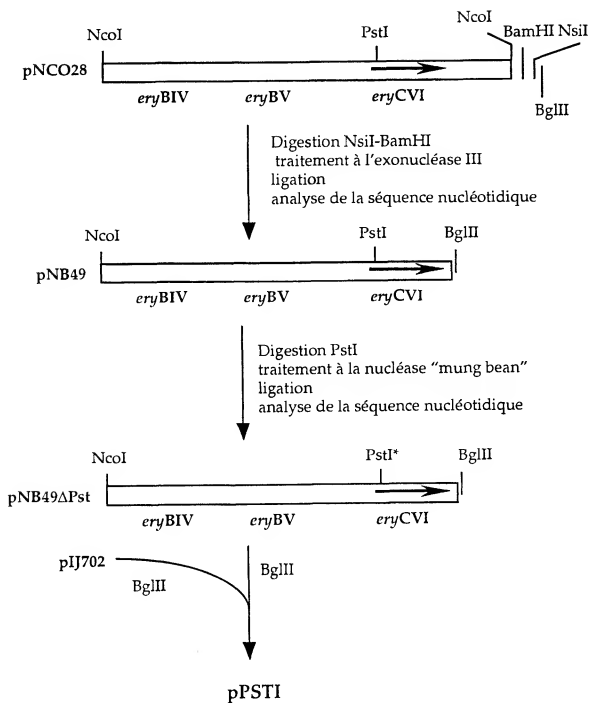


FIGURE 11A

37/60

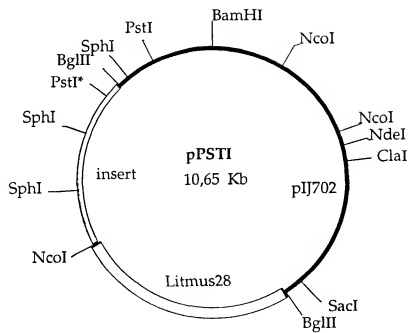


FIGURE 11B

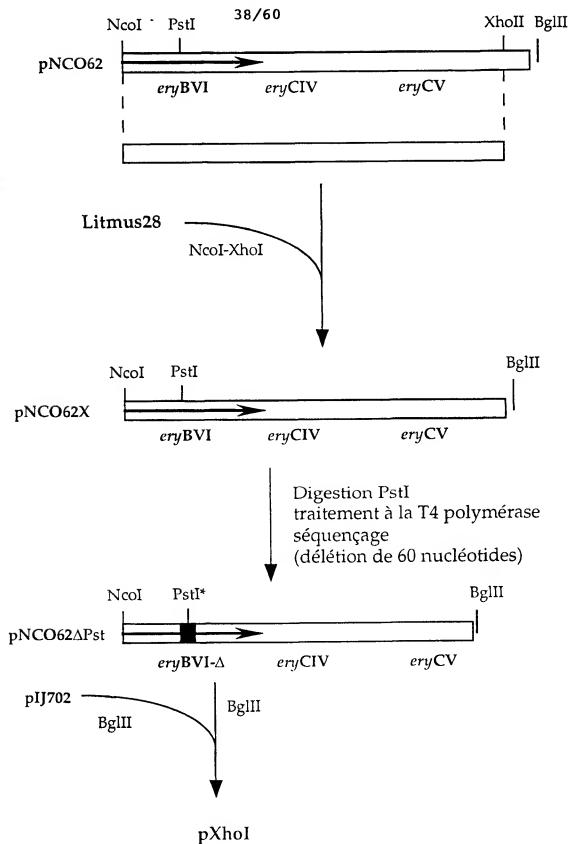


FIGURE 12A

39/60

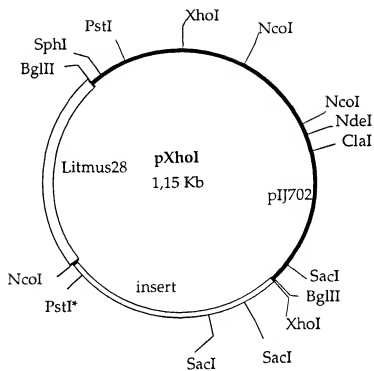


FIGURE 12B

40/60

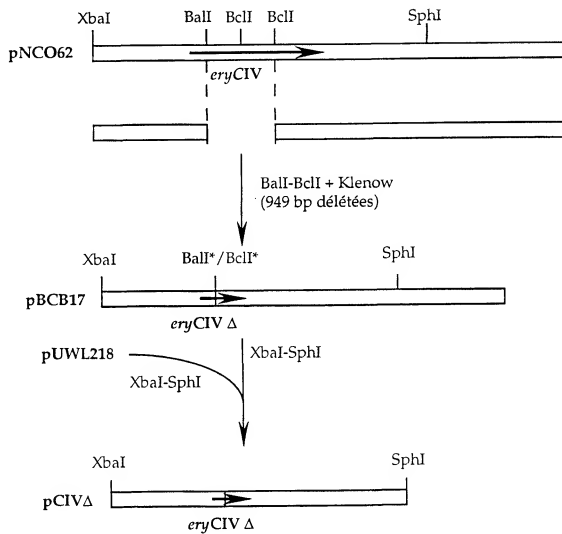


FIGURE 13A

41/60

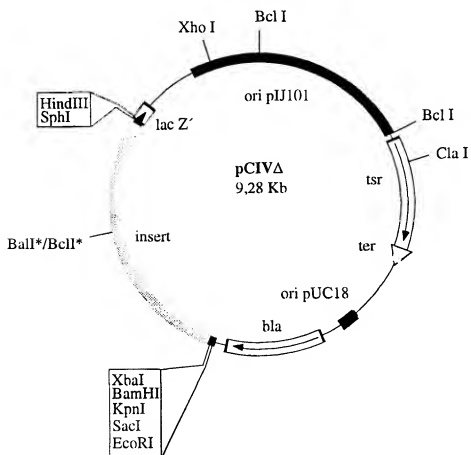


FIGURE 13B

42/60

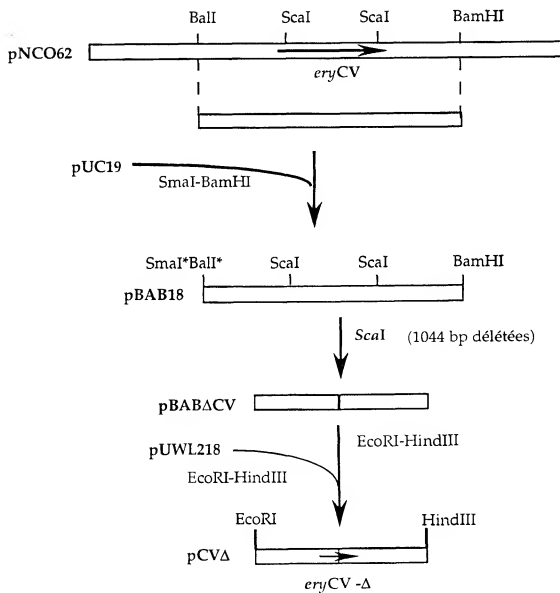


FIGURE 14A

43/60

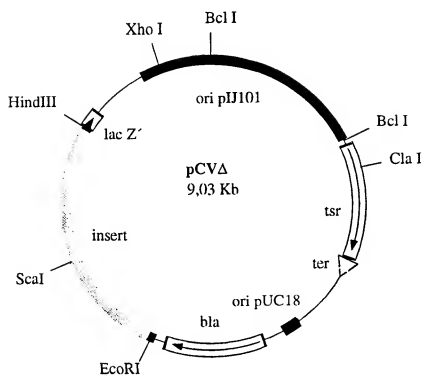


FIGURE 14B

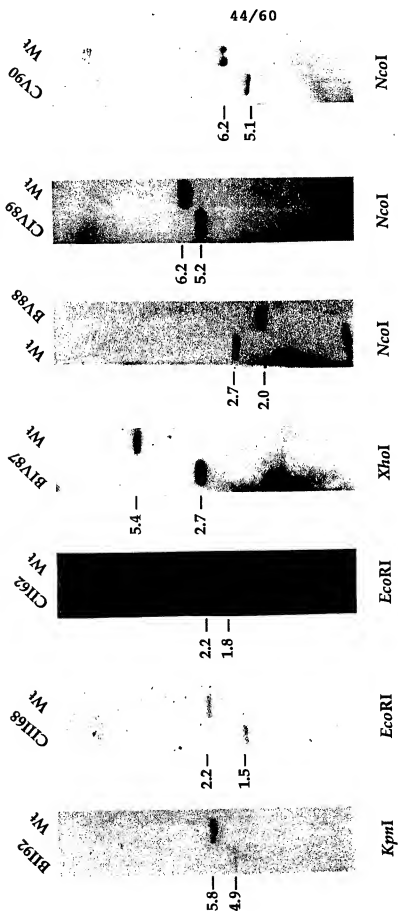


FIGURE 15

45/60

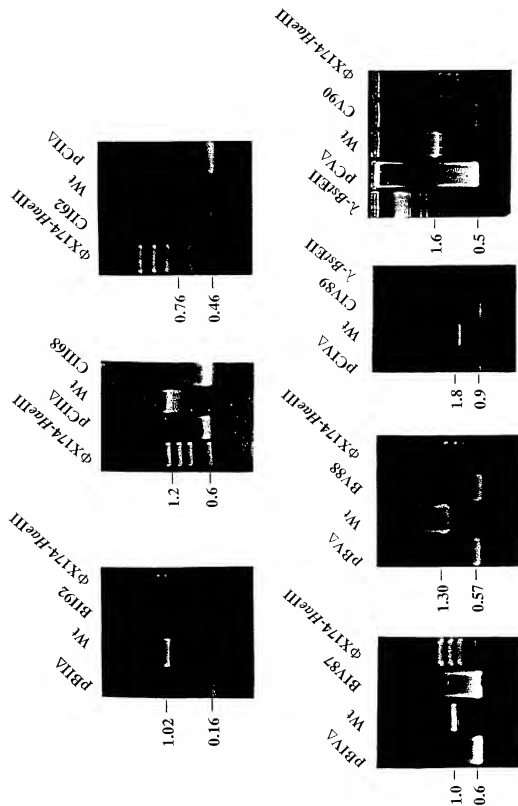


FIGURE 16

46/60

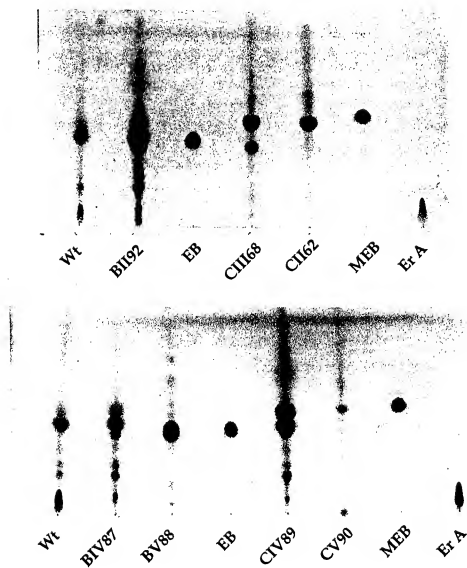


FIGURE 17

47/60



FIGURE 18

48/60

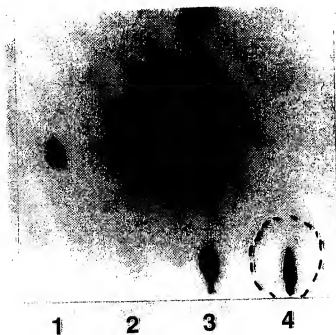


FIGURE 19

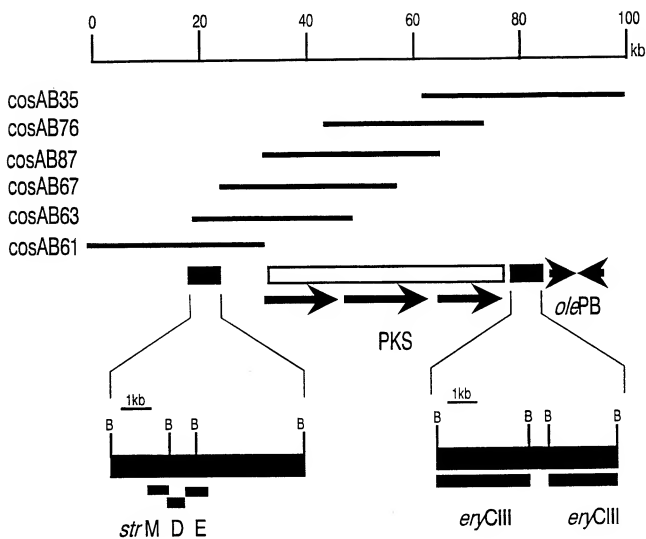


FIGURE 20

50/60

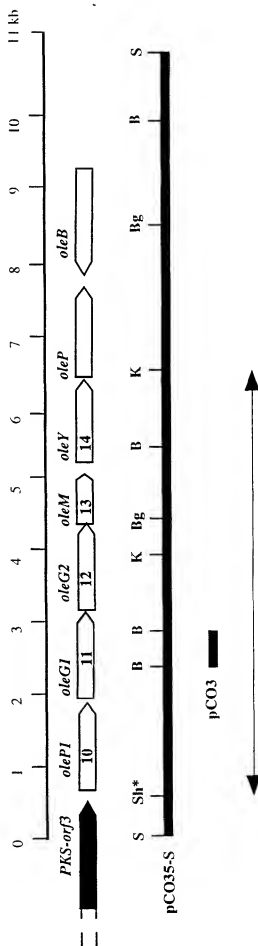


FIGURE 21

1 GCATGCCCCGCTTCTCCCTCTCCGAA CGCATCGACCGCATCCCCCTCAGGGAC 60
 61 CGGTGAAGGAGCGTGTGCACTCATGAGGACATGCAAGCGGTACAGCCCGAACGAGCCA 120
 121 GTGTGGAACACGCGGGGACGCGAGCTCGAACAAGAGCGAACGCGGCACGGAAGCCGCCAG 180
 181 GAGATGGAGACAGCGAACTGGGGCGCCCTGCAGATGCTCCGGGCATGCAGTGGTC 240
 M E D S E L G R R L Q M L R G M Q W V
 OleP1
 241 TTCGGGCGCCAAACGGCGATCCGTACGCCCGGCTGCTGTGGCATGGAGGATGACCGGTCA 300
 F G A N G D P Y A R L L C G M E D D P S
 301 CCTTTCTACACGGATACGACACCTGGGCGAGCTGCACGGAGCAGGACCGAGCCTGG 360
 P F Y D A I R T L G E L H R S R T G A W
 361 GTACCGCGACCCCGGCTCGGGGCGCATCTCTGCCGACCGGAAGGCTCGGTGCCCG 420
 V T A D P G L G G R I L A D R K A R C P
 421 GAAGGCTCGTGGCGGTGCGGGCGAAGACCGAGCGGCTGAGCAGTACGTGCTGCCCGG 480
 E G S W P V R A K T D G L E Q Y V L P G
 481 CACGAGGCTTCGTGGGCTGGAGCGGAGGAGCGGAGCGACTCCGGGAGGTCCGGCGG 540
 H Q A F L R L E R E E A E R L R E V A A
 541 CCGGTCTGGGGCGCGGCGGTGACGCGGTGGCGCGCGCTGATCGACGAGGTCTCGCGG 600
 P V L G A A A V D A W R P L I D E V C A
 601 GGGCTCGGAAGGGGCTGCCGACACGTTTCGACCTGGTTCGAGGAGTACCGCGGGCTGGTG 660
 G L A K G L P D T F D L V E E Y A G L V
 661 CCGGTCTGAGTGTGGCGCGGATCTGGGGCGTCCCGGAGGAGGACCGCGCCGGTTCGGG 720
 P V E V L A R I W G V P E E D R A R F G

FIGURE 22

721 CGTACTCCGGGGCTCGCTCCGGGCTGACACGCTCTGTGTGCCACGATTGGG 780
 R D C R A L A P A L D S L L C P Q Q L A
 781 CTGACAGGACATGCGTCCGGCCCTGGAGGACCTGCGTCTCTTCGAGGGCTCGAC 840
 L S K D M A S A L E D L R L L F D G L D
 841 GCGAGCGCGGCTCCCGGCCCGCGACGAGTACGGAACGCGTGGCCATGCTCACC 900
 A T P R L A G P A D G D G T A V A M L T
 901 GTTCTGCTGTGACGAGCGCGTGACACGCGGATCGGGAACACCGTGTCTGGGCTCCTT 960
 V L L C T E P V T T A I G N T V L G L L
 961 CCCGGGAGTGGCCCCCTGACCGGCGGGTGGCTGCCGGGCAAGTTGCCGGGGAG 1020
 P G Q W P V P C T G R V A A G Q V A G Q
 1021 GCGTGCACCGGGCGGTGCTACCGTATCGGACGCGGTTCGCCCGGAGGACCTGGAG 1080
 A L H R A V S Y R I A T R F A R E D L E
 1081 TTGGCGGGCTGCGAGGTCAAGTCCGGTGACGAGGTGGTGTCTTGGCGGAGCGATCGGC 1140
 L A G C E V K S G D E V V V L A G A I G
 1141 CGGACGACCGTCCGACGCGCCCGCTGCCACCGGGCCAGCGGCCCGCCCGCCG 1200
 R N G P S A A P P A P P G P A A P P A
 1201 CCGTGGTCTTCGGTGCGCGCCCTTCGAGAACGCGCTGGCCGAACCCCTGTCGGGCT 1260
 P S V F G A A A F E N A L A E P L V R A
 1261 GTGAGGACGCGCCCTCCAGGCCCTCGCGAGGGGCCCCCGGGTGACGCGGGCGGGA 1320
 V T G G A L Q A L A E G P P R L T A A G
 1321 CCGTGTACGACGGGGCGTTCCCTGTCTCGGGGGGTGACCGGGTCCGGTGGCC 1380
 P V V R R R R S P V V G G L H R A P V A

1381 GCCGATGAGCATCGGTCCAAAGGCGCGCTCGGCCCCCGCGGCCCTGCGCGTGA 1440
 A A * V M
 OleG1
 1441 TGATGACCACCTTCGGGCCAACACGCACTTCCAGCGCTGGTTCCCTGGCCTGGGCAC 1500
 M T T F A A N T H F Q P L V P L A W A L
 1501 TCGGACACCGGGACGAGGTGCGCTGGTAGCCAGCCCTCGCTGAGCAGCAGTGTGA 1560
 R T A G H E V R V S Q P S L S D V V T
 1561 CGCAGCGGGGCTCACTCGGTCCCGTGGCACCGAGGCTCGGTGAGCAGTTCGGGG 1620
 Q A G L T S V P V G T E A P V E Q F A A
 1621 CGACCTGGGGCAGCATGCCCTACATCGGCGTCAACAGCATCGACTTACCGGCCAAGACC 1680
 T W G D D A Y I G V N S I D F T G N D P
 1681 CCGCCTGTGGAGTGGCCGTACCTCTGGGCATGAGACCATGTGCTGCGGCCCTTCT 1740
 G L W T W P Y L L G M E T M L V P A F Y
 1741 ACGAGTTGCTGAACAACGAGTCCCTTCTGTGGACGGGTAGTCGAGTTGCGCGTGACTGGC 1800
 E L L N N E S F V D G V V E F A R D W R
 1801 GGCCCGACCTGTGTGATCTGGAGCCGTGACGTTCCCGCGCGGTGGCGCGCGTCA 1860
 P D L V I W E P L T F A G A V A A R V T
 1861 CCGCGCGGCCCCACGCCGCTGCCGTGGGGCAGGAGATCACCTCGCGCGGGCGGCAGG 1920
 G A A H A R L P W G Q E I T L R G R Q A
 BamHI
 1921 CGTTCTCGCCGAGCGTGCCTGCAACCGTTGAGCACCGGGAGGATCCACGCGCGAGT 1980
 F L A E R A L Q P F E H R E D P T A E W
 1981 GGCTGGGGCGCATGCTCGACCGGTACGGCTGCTGTTCCACGAGGAGATGCTCACCGGGC 2040
 L G R M L D R Y G C S F D E E M V T G Q

FIGURE 22

2041 AGTGGACCATGACACGGTCCGCGCAGCATGGCGCTGGAGCTGCCGAGAGCTCGCA 2100
 W T I D T L P R S M R L E L S E E L R T
 2101 CCTGGACATGGGTACGTCCGTACAACGAGACGGCGTCTGACCCCTGGGTGGG 2160
 L D M R Y V P Y N G P A V V P P W V W E
 2161 AACCGTGGAGGGCCCGGTGTCTGACATCGGCACCTCCACGGTGAATCCGGCC 2220
 P C E R P R V C L T I G T S Q R D S G R
 2221 GGGACCATGTCCCTCGACCACTGCTGACTCCCTGCCGACGTGGACGGGAGATCG 2280
 D H V P L D H L L D S L A D V D A E I V
 2281 TGGCCACCTGACACACCACCCAGCAGGAGCGCTCGGGGCGGGCCCGGCAACGTCC 2340
 A T L D T T Q Q E R L R G A A P G N V R
 2341 GGCTGGTGGACTTCGTCCCGTGCACGGGTGATGCCGACCTGCTGGCGATCGTGACC 2400
 L V D F V P L H A L M P T C S A I V H H
 2401 ACGTGGTCCGGCAGTGTGACGGGGCTCCACGGCGTCCGCGATCATCCTGG 2460
 G G P G T W S T A A L H G V P Q I I L D
 2461 ACACCTCGTGGACACACCGGTGGCGCGCAGCGCATGACGAACTCGGGCGGGCCTGT 2520
 T S W D T T P V R A Q R M Q Q L G A G L S
 2521 CGATGCCGTGGGGAACTGGGGCTCGAGGGCTGCGGGACCGGGTCTCGGGGTGCTGG 2580
 M P V G E L G V E A L R D R V L R L L G
 BamHI
 2581 GGGAGCCGAGTTCCGCGCGGGCCCGAGCGGATCCGGCGGAGATGCTCGGATGCCCG 2640
 E P E F R A G A E R I R A E M L A M P A
 2641 CCCCGGTGACGTGACCGGACCTGGAACTGACCGGGAGCATGCCACCGGGCGCA 2700
 P G D V V P D L E R L T A E H A T G A M

FIGURE 22

2701 TGGCGGGAGCGGTGAGACGATCGCGCTACTGCTGCTACCTGCTTGCCTGCGCAACGACACCCAC 2760
 A G R R * M R V L L T C F A N D T H
 Ole2
 2761 TTCCACGGGTGTCGGCTGGCGTGGCGGCCCGCGGCACGAAGTCGCGTG 2820
 F H G L V P L A W A L R A A G H E V R V
 2821 GCCAGTCAGCCCGCTGTCGACACGATACCCAAAGCGGACTGACGCGTGCCTG 2880
 A S Q P A L S D T I T Q A G L T A V P V
 2881 GGCGGGACACCGCCTTCCTGGAGCTGATGGGGAGATCGGCGGGACGTCACAGAAATAC 2940
 G R D T A F L E L M G E I G A D V Q K Y
 2941 TCCACGGGATCGACCTGGGCTCGCGCGAGCTGACGAGCTGGGAGTACCTGCTCGGC 3000
 S T G I D L G V R A E L T S W E Y L L G
 3001 ATGCACACACCGTGTGCCACGTTCTACTCGTGGTCAACACGAGCCGTTCTGTCGAC 3060
 M H T T L V P T F Y S L V N D E P F V D
 3061 GGGCTGTCGCGTGACCCGGGCTGGCGGCCGACCTCATCTGTGGGAGCACTTCAGC 3120
 G L V A L T R A W R P D L I L W E H F S
 3121 TTCGCGGGGCGTTGGCGGCGGCCACCGGCACGCCCGCGGTGCTGTGGGG 3180
 F A G A L A A R A T G T P H A R V L W G
 3181 TCGGACCTCATCGTCCGGTTCGCGGGACTTCCTCGCGAGCGGGGCAACCGGCCGCGC 3240
 S D L I V R F R R D F L A E R A N R P A
 3241 GAGCACCGGAGACCCATGGCGGAGTGGTGGCGGCCGCAACGGCTGGGCTCC 3300
 E H R E D P M A E W L G W A A E R L G S
 3301 ACCTTGACGAGAGCTGGTACCGGGGAGTGGACGATCCACCGCTGCCCGGGAGCATG 3360
 T F D E E L V T G Q W T I D P L P R S M

FIGURE 22

3361 CGGTGCCACCGGACGACGAGTGCCTGCGGTACGTACGTAACGGCGGGCC 3420
 R L P T G T T V P M R Y V P Y N G R A
 3421 GTGTCCCGCATGGTCCGCGACGTCGGCGGCCCGGATCTGCTACGCTCGT 3480
 V V P A W V R Q R A R R P R I C L T L G
 3481 GTGTGGCCCGCAGACCTGGCGACGCGGTGTCGTGGCGAGTGTGGCCGCGT 3540
 V S A R Q T L G D G V S L A E V L A A L
 3541 GGCACGTGGACGCGAGATCGTGGCCACGCTGGACGCCCTCCAGCGCAAGCTCCTGGGG 3600
 G D V D A E I V A T L D A S Q R K L L G
 3601 CCGTGC CGGACAACGTCCGGCTGGTGAACCTGCTGCCCTGCACGCCCTGATGCCGACC 3660
 P V P D N V R L V D F V P L H A L M P T
KpnI
 3661 TGTTCGGCGATCGTGACACCGGCGCGGTACCTGGTGAAGCGCGCGTCCACGGC 3720
 C S A I V H H G G A G T W L T A A V H G
 3721 GTCCGCGAGATCGTCTCGGTGACCTCTGGGACAACTGTGCGCGCCGCGCAGACAG 3780
 V P Q I V L G D L W D N L L R A R Q T Q
 3781 GCCGGGGCGGGCGCTTTCATCCATCCGTCGAGGTACCGCGCGGGCTCGGTGAG 3840
 A A G A G L F I H P S E V T A A G L G E
 3841 GCGTGC CGCGGTGTGACGACCCCTTCATCCGGCGCGCCGACAGCGGTCCGGGAC 3900
 G V R R V L T D P S I R A A A Q R V R D
 3901 GAGATGAATGACAGCGCAGCCCGGCGAGTGTGTCAGGTGTGGAGCGGCTCCCGCG 3960
 E M N A E P T P G E V V T V L E R L A A

3961 AGCGGCGACGGACGAGGCGGGAACCATCGGGCTGCACGAGCGGACCCACCGG 4020
 S G G R G R G G G N H A G * M R A D T E P T T G
 oIeM

BgIII

4021 GTACGAGCAGGATTTCGCCGAGATCTACGACGCCCTGTACGGGGCGGGCAAGACTA 4080
 Y E D E F A E I Y D A V Y R G R G K D Y

4081 CGCGGCGAGGGAAGGACGTGCGGACCTCGTGC GCGACCGGGTGC G GACGCGTCTC 4140
 A G E A K D V A D L V R D R V P D A S S

4141 CCTCTGACGTGGCTGCGGACGGGCGGCACCTGCGGCACTTCCCGCTCTTCCA 4200
 L L D V A C G T G A H L R H F A T L F D

4201 CGACGCCCGGCTCTCGAACTGTCGCGAGCATGTGGACATCGCCGCTCCCGCATGCC 4260
 D A R G L E L S A S M L D I A R S R M P

4261 GGGCGTGGCGTGACCAAGGGACATGCGATCCTTCGACCTGGGGCCACGCTCTCCGC 4320
 G V P L H Q G D M R S F D L G P R V S A

4321 GGTCACTGTCATGTTTCAGTCCGTCGCCACCTGGCCACCA CGCGCACTCGACGCGAC 4380
 V T C M F S S V G H L A T T A E L D A T

4381 GCTCGGTGCTTTCGCCGCGACACCGCGCGCGGTGGCGGTATCGAACCGTGGTG 4440
 L R C F A R H T R P G G V A V I E P W W

4441 GTTCCCGAGACCTTACCACGCGTACGTGGGGGTGACATCGTACCGTTCGCGGCGG 4500
 F P E T F T D G Y V A G D I V R V D G R

4501 GACCATCTCCCGGTGTCCTCACTCGGTACGGGACGCGCGCGCCACCGCATGGAGATCCA 4560
 T I S R V S H S V R D G G A T R M E I H

FIGURE 22

FIGURE 22

5221 CTGGCCGCGCCACCAAGTGGTGTGCACGCGACCAACGAGACGCCCCCACTG 5280
 L A A R A T N V V L H A T T N E T P P L
 5281 GACCGGTGGCCCTGCGCTACGAGTCCACAGTGGGGCGCTCCACTGTTACCGGC 5340
 D R L A L R Y E S D K W G G V H W F T G

 BamHI
 5341 CACTACGACCGCACCTGCGGGCCGTGCGGACCGCGGTGGGATCCTGGAGATCGGC 5400
 H Y D R R H L R A V R D Q A V R I L E I G
 5401 ATCGCGGGTACGACACCTGCTGCCGAGCGCGCCTCACTGAAGATGTGGAAGCGCTAC 5460
 I G G Y D D L L P S G A S L K M W K R Y
 5461 TTCCCGCGCGCTGTCTTTCGGCGTGGACATCTTCGACAGTGGCGGTGCGACCAAGCCGC 5520
 F P R G L V F G V D I F D S R R A T S R

 5521 GTGTCAAGACGCTCCGGGCGCGGACGACCGGAGTTTCATGCGCGCGTCCCGGAG 5580
 V S R R S A A R Q D D P E F M R R V A E
 5581 GAGCAGGGCGGTTGAGACGTATCATCGACGAGCGGACGACATCAACGCACACATGCGG 5640
 E H G P F D V I I D D G S H I N A H M R
 5641 ACGTCGTTCTCGGTGATGTTCCCCACCTGCGCACGCGGCGTTTACGTATCGAGGAC 5700
 T S F S V M F P H L R N G G F Y V I E D
 5701 ACCTTCACTCTACTGGCCCGGTAACGAGGGCCATCCGAGCCCGGTGCCCGCCGGA 5760
 T F T S Y W P G Y G P S G A R C P S G
 5761 ACAACCGCGTGGAGATGGTCAAGGACTGATCGACTCGGTGTGCTACGAGGAGCGGCCG 5820
 T T A L E M V K G L I D S V H Y E E R P

FIGURE 22

5821 GACGGGGGCCACGGCCGACTACATCGCCAGGAACCTCGTCGGGCTGCACGCCTACCAA 5880
D G A A T A D Y I A R N L V G L H A Y Q
5881 ACGACCTCGTCTTCTCGAGAAGGGCGATCAACAAGGAGGGCGGCATCCGCCACACCGTG 5940
T T S S S R A I N K E G G I P H T V
5941 CCCGGGAGCCGTTCTGGAAACGACAACCTAGCCACGGCCGCAACCCAGAGCCGGAAACCGCA 6000
P R E P F W N D N *
6001 CCACTGTCCGGCCACCTCGGAACCACTCCAGCAAAAGGACACACCGCTGTGACCGATAC 6060
KpnI
6061 GCACACGGACCGACACCGGCCGACGGGTACC 6093

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

5

(i) DEPOSANT:

(A) NOM: Hoechst Marion Roussel

(B) RUE: 1, Terrasse Bellini

(C) VILLE: PUTEAUX

10

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 92800

(G) TELEPHONE: 01.49.91.57.27

(H) TELECOPIE: 01.49.91.46.10

15

(ii) TITRE DE L' INVENTION: Genes de biosynthese et de transfert des
6-desoxyhexoses chez Saccharopolyspora erythraea et chez
Streptomyces antibioticus et leur utilisation.

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 61

20

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

(A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk

(B) ORDINATEUR: IBM PC compatible

(C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS

25

(D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(vi) DONNEES DE LA DEMANDE ANTERIEURE:

(A) NUMERO DE LA DEMANDE: FR 9709458

(B) DATE DE DEPOT: 25-JUL-1997

30

(vi) DONNEES DE LA DEMANDE ANTERIEURE:

(A) NUMERO DE LA DEMANDE: FR 9807411

(B) DATE DE DEPOT: 12-JUN-1998

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 3439 paires de bases

40

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: double

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

45

(vi) ORIGINE:

(A) ORGANISME: *Saccharopolyspora erythraea*

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

5 (B) EMPLACEMENT: complement (48..1046)

(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBII"

10 (ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

(B) EMPLACEMENT: complement (2322..3404)

(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese de la desosamine"
/gene= "eryCII"

15

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

20

GCTTCACGCT CACCAGCCGT ATCCTTTCTC GGTTCCTCTT GTGCTCACTG CAACCAGGCT 60

TCCGCGCCCG CGCCGCCGGA GGCCACCGCG GGAAGATCT CGTCCAGTTC GGACAGCGCC 120

25 TGCTCGTCCA GGGTCATCGC GGACGCCCTT AGCGCGGAGT CGAGCTGCTC GGGGGTTTCG 180

GGGCCGATGA CGGCGCCGGC GATGCCGGGC CGGGACAGCA CCCATGCGAG CCCACCTCG 240

GCCGGGTCTT GCCTGAGGTT GCGGCAGAAC TTCTCGTAGG CTTGATCGC CGGGCGCAGG 300

30

GACGGAACA GCACCTGCGC ACGGCCCTGC GCGCACTTCA CCGCGGTGCC CGCGGCCAGC 360

TTCTCCAGCG CTCGCTGAG CAGGCCGCCG TGCAGCGCG ACCAGGCGAA GACGCCGAGC 420

35 CCGTAGGCCT GCGCGCGGG CAGCACCTCC AGCTCGGCGT GCCGGACCGC CAGGTTGTAC 480

AGGCACTGGT GGGAGACCAT GCCAGGGAG TGGCGGCGGG CGGCGTTCTC CTGCGCGCG 540

GCGATGTGCC AGCCCGCGAA GTTCGACGAG CCGACGTAGG AGACCTTGCC GCTGGCGACG 600

40

AGGCTGTCCA TGGCTGCCA CACCTCGTCC CACGGCGCG ACCGGTCGAT GTGGTGCATC 660

TGGTAGAGCT CGATGTGGTC GACGCCAGC CTGCGCAGCG ATCCCTCGCA GGAGGCGATG 720

45 ATGTGCCGCG CCGACAGCCC GCTGTGTTG ACGGCTCGC TCATCTCGCC GCCGACCTTG 780

	GTGCGCAGCA CGGTGTCCTC GCGCCGTCCG CCGCCCTGGG CCAGCCACCT GCCCACCAGC	840
	TCCTCGGTGT GGCCTTGTG GAGCCGCCAG CCGTACATGT CGGCGGTGTC GAGGCAGTTG	900
5	ATGCGCGCGT CCCGGGCGTG GTCCATCAGG CGCAGCGCGT CGTCGTCTTC GACGCGTCCG	960
	CTGAAGTTCA CCGTGCCGAG CCAGAGCCTG CTGGTGAGCA GCGCGGAACG CCCGAGCCGC	1020
	ACGTGCGTCG CGGCGTCGGT GGTATCGTG GTTCTCTCCT TCCTGCGGCC AGTTCTCTCGC	1080
10	AGATGCCGAC GACCTCGGCC GGTGACGGCT CCGCAGCAT GTCGTGCGGC ATCCGCGCCG	1140
	CGCCGGCGCG GTGGGCGGG TCGTCGAGGA CCCGCTTAC CCACTCCCG AGCTGGTCGG	1200
15	GGGTGAGTTC GGGCACGGGC AGCGCGATCC CCGCCCCGAA TTCCTGCGTG CGCTGCGCGC	1260
	GCACGCCGGT GTCCAGCCG TCGGCGAGGA TCACCTGCGG CACGCCGTGG ATCGCCGCGG	1320
	TGTGCGAGCT CCCGGGTCCG CCGTGGTGCA CCGTCGCGC GCAGGTGCGC AGCAGCGCGT	1380
20	GCATCGGGAC GAAGCCGACC GTGCGGACGT TGTCCGGGAT GTTCGCGACG CCTTCTAGCT	1440
	GCTGCGGTC GAAGTTCGCG ATGATCTCGG CGTCGACGTC GCCAGCGCA CCCAGCAGCT	1500
25	CCTCGATGGA GACCTGCCCC ATGCTGTTCT CGCGGCTGGA GATCCGAGC GTGAGGCACA	1560
	CGCGGCGGCG CTCGGGCTCG TCGTCGAGCC ATTCCGGCAC CACGGACGGC CCGTTGTAGT	1620
	CGACGTAGCG CATCCCGACG GTCTTCAGGC CCGTGTGCGG CCTGATCGCG GC CGGGGCGG	1680
30	GGTCGATCGT CCACTGCCCC ACGACCACT CCTCGTCGAA GCGCGGCGG CCGTACTTCT	1740
	CCAGCGTCCA GGTGAGCCAC TCGGCGAGCG GGTCTCCCG GTGCTCCTCC GGCTGGTCGG	1800
35	GCAGCAGGCC GAGGAAGTTC TGCCGCGCCC GGGTGGTGAT GTCGGGTCCC CACAGCAGCC	1860
	GCGCGTGCGG CGTTCGGTC ACCGCCGCG CGATGGGCGC GCGAAGGTG AGCGGCTCCC	1920
	AGATGACCAG GTCGGGCGGC CACTTCCGGC AGAACGAGC CATGCCTTCG ATGAGCGTGT	1980
40	CCGGGCTCAT CAGGGCGTAG AAGGTCGGG TGAGCACGGT CTGCATGCC AGCAGGTGCT	2040
	CCCAGGTCAA GGTGGCGGG TCCGCTCGC TGAAGTCCAG GCTCCGACG TAGTCGATGA	2100
45	TGTCGTGGCC CGCTGGGTC ATGAAGTCCA CGAGGTGCGC GTCGGTGCGG ACCGGGACGG	2160

	CGGTCAGCCC GGCCGCGGTG ATGTCCTCGG TGAGCGCCGG GGACGCGACC ACGCGGACCT	2220
	CGTGCCCCGC CGCGCGGAAC GCCCATGCGA GGGGGACGAG GCCGAAGAGG TGGCTCTTGC	2280
5	TGGCCATGGA GGAGAAGACG ACGCGCATCG CGGTTACCTC AGAGCTCGAC GGGGCAGCGG	2340
	TTGGTTCCCC GCAGGACGGG TGATCGGCGG CGCCGGACGA CCGGGCCGCT GGGCGTGAGT	2400
	CCGGGCAGCG CTTTGGCCGC GGCCCGCAGT GCGGCGGTGG CGAGCGCGGT GACCAGCTCC	2460
10	TCCAGCCTGC CGGGGTGGCC GCATGTGCC GACAGCGCGC GGTGCGCGTC GGGGCGGTCC	2520
	ACGTCGAGGC GGTGCGGCTC GGCGAAGACC TCCGGGTCGC GGTGGCCGC CGCGACGACG	2580
15	ACCACGACCT CCTCGCCTTC GCCGATCAGG TGCTCGCCGA GCCGCACTC TGCGGTGGCC	2640
	GTGCGCCGCT CCAGGTCAA TGCCGGGTGC AGGCGCAGCA CCTCGGCGAC GGTTCGCTGC	2700
	GCGGCGCGG GGTGTCGCG GATCCGTCG GCCAGCCCCG GTTCGGCCGA GACGGCCAGG	2760
20	ACCGCGTCGA CCACGGTGT TCGGCTCATC TCGGCCCCGG CGAACAGGGC GCGCAGTGCG	2820
	GGGTGCGCGG GCATGCCCCG GACCGTGCT TCGGTCACCG CGAGCTGCTG CGGGCTGAGC	2880
25	TGGGCGTCCA GGTGACGCG GCGTCCAC GCGGCGCCGC GCAGCACTCC GGCTGCGCCG	2940
	AGCAGGCGG TCATGCCCTG CACCGGTACC TGCCAGGCGA AGTCGCCGAC CAGGTCCAGC	3000
	CGCGCGCCCG CGCCGGGAG CAGACCGGCG AAGCTCTCCG CCAGTTCCCC GACGTCGGGG	3060
30	ACCTCGCCTT CCCAGGACGC GCGGTGCACG TCCCGGAACG GCTGGGCCCA CTCGGCGGGT	3120
	GGCGCGCCCG CGGCCCGCAT CCATTCGGT GTGCGTCCGG TGGCGCGGGT GAACGCGGGG	3180
35	TCGTGAGCA CCTGCCGGG GGTGGCGTGG TCGGCCACCA CCCACGCTC GGTGCGGCTG	3240
	CGCCGCACAC CGGACTCGCG CATCGAGCGG TACCGGCGCT GCGGGTCGTC GTCGTGTCCG	3300
	CACAGCAGCA TCGGTAAGG GTCGCCGTTG CTGCCGTAAC CCCAGTGACG GCCGCGGATC	3360
40	ATCTGGAGCT GCCTGCCAG CCCGCGCGA TCGGTGCTGG TCATGAATTC CCTCCGCCCA	3420
	GCCAGGCGTC GATGTGCCG	3439

45

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 333 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

5

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

Met	Thr	Thr	Asp	Ala	Ala	Thr	His	Val	Arg	Leu	Gly	Arg	Ser	Ala	Leu	
10	1			5					10					15		
Leu	Thr	Ser	Arg	Leu	Trp	Leu	Gly	Thr	Val	Asn	Phe	Ser	Gly	Arg	Val	
			20					25					30			
15	Glu	Asp	Asp	Asp	Ala	Leu	Arg	Leu	Met	Asp	His	Ala	Arg	Asp	Arg	Gly
		35					40						45			
Ile	Asn	Cys	Leu	Asp	Thr	Ala	Asp	Met	Tyr	Gly	Trp	Arg	Leu	Tyr	Lys	
	50					55					60					
20	Gly	His	Thr	Glu	Glu	Leu	Val	Gly	Arg	Trp	Leu	Ala	Gln	Gly	Gly	Gly
	65					70				75						80
Arg	Arg	Glu	Asp	Thr	Val	Leu	Ala	Thr	Lys	Val	Gly	Gly	Glu	Met	Ser	
25			85					90					95			
Glu	Arg	Val	Asn	Asp	Ser	Gly	Leu	Ser	Ala	Arg	His	Ile	Ile	Ala	Ser	
		100						105					110			
30	Cys	Glu	Gly	Ser	Leu	Arg	Arg	Leu	Gly	Val	Asp	His	Ile	Asp	Val	Tyr
		115						120					125			
Gln	Met	His	His	Ile	Asp	Arg	Ser	Ala	Pro	Trp	Asp	Glu	Val	Trp	Gln	
	130					135					140					
35	Ala	Met	Asp	Ser	Leu	Val	Ala	Ser	Gly	Lys	Val	Ser	Tyr	Val	Gly	Ser
	145					150				155					160	
Ser	Asn	Phe	Ala	Gly	Trp	His	Ile	Ala	Ala	Ala	Gln	Glu	Asn	Ala	Ala	
40			165					170					175			
Arg	Arg	His	Ser	Leu	Gly	Met	Val	Ser	His	Gln	Cys	Leu	Tyr	Asn	Leu	
		180						185					190			
45	Ala	Val	Arg	His	Ala	Glu	Leu	Glu	Val	Leu	Pro	Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr
	195						200						205			

Gly Leu Gly Val Phe Ala Trp Ser Pro Leu His Gly Gly Leu Leu Ser
 210 215 220

Gly Ala Leu Glu Lys Leu Ala Ala Gly Thr Ala Val Lys Ser Ala Gln
 5 225 230 235 240

Gly Arg Ala Gln Val Leu Leu Pro Ser Leu Arg Pro Ala Ile Glu Ala
 245 250 255

10 Tyr Glu Lys Phe Cys Arg Asn Leu Gly Glu Asp Pro Ala Glu Val Gly
 260 265 270

Leu Ala Trp Val Leu Ser Arg Pro Gly Ile Ala Gly Ala Val Ile Gly
 275 280 285

15 Pro Arg Thr Pro Glu Gln Leu Asp Ser Ala Leu Lys Ala Ser Ala Met
 290 295 300

Thr Leu Asp Glu Gln Ala Leu Ser Glu Leu Asp Glu Ile Phe Pro Ala
 20 305 310 315 320

Val Ala Ser Gly Gly Ala Ala Pro Glu Ala Trp Leu Gln
 325 330

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 361 acides aminés
 30 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

35

Met Thr Thr Thr Asp Arg Ala Gly Leu Gly Arg Gln Leu Gln Met Ile
 1 5 10 15

Arg Gly Leu His Trp Gly Tyr Gly Ser Asn Gly Asp Pro Tyr Pro Met
 40 20 25 30

Leu Leu Cys Gly His Asp Asp Asp Pro Gln Arg Arg Tyr Arg Ser Met
 35 40 45

45 Arg Glu Ser Gly Val Arg Arg Ser Arg Thr Glu Thr Trp Val Val Ala
 50 55 60

Asp His Ala Thr Ala Arg Gln Val Leu Asp Asp Pro Ala Phe Thr Arg
 65 70 75 80

Ala Thr Gly Arg Thr Pro Glu Trp Met Arg Ala Ala Gly Ala Pro Pro
 5 85 90 95

Ala Glu Trp Ala Gln Pro Phe Arg Asp Val His Ala Ala Ser Trp Glu
 100 105 110

10 Gly Glu Val Pro Asp Val Gly Glu Leu Ala Glu Ser Phe Ala Gly Leu
 115 120 125

Leu Pro Gly Ala Gly Ala Arg Leu Asp Leu Val Gly Asp Phe Ala Trp
 130 135 140

15 Gln Val Pro Val Gln Gly Met Thr Ala Val Leu Gly Ala Ala Gly Val
 145 150 155 160

Leu Arg Gly Ala Ala Trp Asp Ala Arg Val Ser Leu Asp Ala Gln Leu
 20 165 170 175

Ser Pro Gln Gln Leu Ala Val Thr Glu Ala Ala Val Ala Ala Leu Pro
 180 185 190

25 Ala Asp Pro Ala Leu Arg Ala Leu Phe Ala Gly Ala Glu Met Thr Ala
 195 200 205

Asn Thr Val Val Asp Ala Val Leu Ala Val Ser Ala Glu Pro Gly Leu
 210 215 220

30 Ala Glu Arg Ile Ala Asp Asp Pro Ala Ala Ala Gln Arg Thr Val Ala
 225 230 235 240

Glu Val Leu Arg Leu His Pro Ala Leu His Leu Glu Arg Arg Thr Ala
 35 245 250 255

Thr Ala Glu Val Arg Leu Gly Glu His Val Ile Gly Glu Gly Glu Glu
 260 265 270

40 Val Val Val Val Val Ala Ala Ala Asn Arg Asp Pro Glu Val Phe Ala
 275 280 285

Glu Pro Asp Arg Leu Asp Val Asp Arg Pro Asp Ala Asp Arg Ala Leu
 290 295 300

45

Ser Ala His Arg Gly His Pro Gly Arg Leu Glu Glu Leu Val Thr Ala
 305 310 315 320

Leu Ala Thr Ala Ala Leu Arg Ala Ala Ala Lys Ala Leu Pro Gly Leu
 5 325 330 335

Thr Pro Ser Gly Pro Val Val Arg Arg Arg Arg Ser Pro Val Leu Arg
 340 345 350

10 Gly Thr Asn Arg Cys Pro Val Glu Leu
 355 360

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

- 15 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 1266 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: double
 (D) CONFIGURATION: linéaire
- 20 (ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc
- (vi) ORIGINE:
 (A) ORGANISME: Saccharopolyspora erythraea
- 25 (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: CDS
 (B) EMPLACEMENT: complement (4..1266)
 (D) AUTRES INFORMATIONS: /function= "implique dans la
 30 biosynthese de la desosamine"
 /gene= "eryCIII"
 /note= "SEQ ID NO 1 DE 1046 A 2308"
- 35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:
- TCATCGTGGT TCTCTCCTTC CTGCGGCCAG TTCCTCGCAG ATGCCGACGA CCTCGGCCGG 60
- TGACGGCTCC GCGAGCATGT CGTCGCGCAT CCGCGCCGCG CCGGCGCGGT GGGCCGGGTC 120
- 40 GTCGAGGACC CGCTTACCG ACTCCCGGAG CTGGTCGGGG GTCAGCTCGG GCACGGGCAG 180
- CGCGATCCCC GCCCGAATT CCTGCGTSCG CTGCGCGCGC ACGCCGGTGT CCCAGCCGTC 240
- 45 GGGCAGGATC ACCTGCGGCA CGCCGTGGAT CGCCGCGGTG TGCCAGCTCC CGGGTCCGCC 300

	GTGGTGCACC GTCGCCGCGC AGGTCGGCAG CAGCGCGTGC ATCGGGACGA AGCCGACCGT	360
	GCGGACGTTG TCCGGGATGT TCGCGACGCC TTCTAGCTGC TCGCGTCTGA AGGTGCGCAT	420
5	GATCTCGGCG TCGACGTCGC CGACGGCACC CAGCAGCTCC TCGATGGAGA CCTGCCCGAT	480
	GCTGTTCTCG CGGCTGGAGA TCCCGAGCGT GAGGCACACG CGGCGGCGCT CGGGCTCGTC	540
	GTGCACCCAT TCCGGCACCA CGGACGGCCC GTTGTAGTCG ACGTAGCGCA TCCCGACGGT	600
10	CTTCAGGCCG GTGTGAGGCC TGATCGCGGC CGGGGCGGGG TCGATCGTCC ACTGCCCGAC	660
	GACCACCTCC TCGTCGAAGG CCGGGCCGCC GTACTTCTCC AGCGTCCAGG TGAGCCACTC	720
15	GCGGAGCGGG TCCTCCCGGT GCTCCTCCGG CTGGTCGGGC AGCAGGCCGA GGAAGTTCTG	780
	CCGCGCCCGG GTGGTGATGT CGGGTCCCCA CAGCAGCCCG GCGTGCGGCG TTCGGTCCAC	840
	CGCCGCCGCG ATGGGCGCGG CGAAGGTGAG CGGCTCCAG ATGACCAGGT CGGGCCGCCA	900
20	CTTCGCGCAG AACGAGACCA TGCTTCGAT GAGCGTGTCC GGGCTCATCA GGGCGTAGAA	960
	GGTCGGGGTG AGCACGGTCT CATGCCCCAG CAGGTGCTCC CAGGTCAAGG TGGCGGGGTC	1020
25	CCGCTCGCTG AAGTCCAGGC TCCGGACGTA GTCGATGATG TCGTGCCCCG CGTGGGTGAT	1080
	GAAGTCCACG AGGTCGACGT CGGTGCCGAC CGGGACGGCG GTCAGCCCGG CCGCGGTGAT	1140
	GTCTCTGGTG AGCGCCGGGG ACGCGACCAC GCGGACCTCG TGCCCCCGCG CGCGGAACGC	1200
30	CCATGCGAGG GGGACGAGGC CGAAGAGGTG GCTCTTGCTG GCCATGGAGG AGAAGACGAC	1260
	GCGCAT	1266

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

40

(A) LONGUEUR: 421 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

45

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

10

Met Arg Val Val Phe Ser Ser Met Ala Ser Lys Ser His Leu Phe Gly
 1 5 10 15

Leu Val Pro Leu Ala Trp Ala Phe Arg Ala Ala Gly His Glu Val Arg
 5 20 25 30

Val Val Ala Ser Pro Ala Leu Thr Glu Asp Ile Thr Ala Ala Gly Leu
 35 40 45

10 Thr Ala Val Pro Val Gly Thr Asp Val Asp Leu Val Asp Phe Met Thr
 50 55 60

His Ala Gly His Asp Ile Ile Asp Tyr Val Arg Ser Leu Asp Phe Ser
 65 70 75 80

15 Glu Arg Asp Pro Ala Thr Leu Thr Trp Glu His Leu Leu Gly Met Gln
 85 90 95

Thr Val Leu Thr Pro Thr Phe Tyr Ala Leu Met Ser Pro Asp Thr Leu
 20 100 105 110

Ile Glu Gly Met Val Ser Phe Cys Arg Lys Trp Arg Pro Asp Leu Val
 115 120 125

25 Ile Trp Glu Pro Leu Thr Phe Ala Ala Pro Ile Ala Ala Val Thr
 130 135 140

Gly Thr Pro His Ala Arg Leu Leu Trp Gly Pro Asp Ile Thr Thr Arg
 145 150 155 160

30 Ala Arg Gln Asn Phe Leu Gly Leu Leu Pro Asp Gln Pro Glu Glu His
 165 170 175

Arg Glu Asp Pro Leu Ala Glu Trp Leu Thr Trp Thr Leu Glu Lys Tyr
 35 180 185 190

Gly Gly Pro Ala Phe Asp Glu Glu Val Val Val Gly Gln Trp Thr Ile
 195 200 205

40 Asp Pro Ala Pro Ala Ala Ile Arg Leu Asp Thr Gly Leu Lys Thr Val
 210 215 220

Gly Met Arg Tyr Val Asp Tyr Asn Gly Pro Ser Val Val Pro Glu Trp
 225 230 235 240

45

11

Leu His Asp Glu Pro Glu Arg Arg Arg Val Cys Leu Thr Leu Gly Ile
 245 250 255
 Ser Ser Arg Glu Asn Ser Ile Gly Gln Val Ser Ile Glu Glu Leu Leu
 5 260 265 270
 Gly Ala Val Gly Asp Val Asp Ala Glu Ile Ile Ala Thr Phe Asp Ala
 275 280 285
 10 Gln Gln Leu Glu Gly Val Ala Asn Ile Pro Asp Asn Val Arg Thr Val
 290 295 300
 Gly Phe Val Pro Met His Ala Leu Leu Pro Thr Cys Ala Ala Thr Val
 305 310 315 320
 15 His His Gly Gly Pro Gly Ser Trp His Thr Ala Ala Ile His Gly Val
 325 330 335
 Pro Gln Val Ile Leu Pro Asp Gly Trp Asp Thr Gly Val Arg Ala Gln
 20 340 345 350
 Arg Thr Gln Glu Phe Gly Ala Gly Ile Ala Leu Pro Val Pro Glu Leu
 355 360 365
 25 Thr Pro Asp Gln Leu Arg Glu Ser Val Lys Arg Val Leu Asp Asp Pro
 370 375 380
 Ala His Arg Ala Gly Ala Ala Arg Met Arg Asp Asp Met Leu Ala Glu
 385 390 395 400
 30 Pro Ser Pro Ala Glu Val Val Gly Ile Cys Glu Glu Leu Ala Ala Gly
 405 410 415
 Arg Arg Glu Pro Arg
 35 420

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- 40 (A) LONGUEUR: 8160 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: double
 (D) CONFIGURATION: linéaire

45 (ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

- (vi) ORIGINE:
(A) ORGANISME: *Saccharopolyspora erythraea*
- (ix) CARACTERISTIQUE:
5 (A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:242..1207
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBIV"
10 /transl_except= (pos: 242 .. 244, aa: Met)
- (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:1210..2454
15 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBV"
/transl_except= (pos: 1210 .. 1212, aa: Met)
- (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:2510..3220
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese de la desosamine"
20 /gene= "eryCVI"
25
- (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:3308..4837
30 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese du mycarose"
/gene= "eryBVI"
/transl_except= (pos: 3308 .. 3310, aa: Met)
- (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:6080..7546
35 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese de la desosamine"
40 /gene= "eryCV"
- (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:7578..8156
45 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "implique dans la
biosynthese du mycarose"

/gene= "eryBVII"

/transl_except= (pos: 7578 .. 7580, aa: Met)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- 5 (A) NOM/CLE: mat_peptide
(B) EMBLEMMENT:242

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

```

TTTGACAGGT CCGCCACGCG TCCCCCTACT CGACGACCAC GCAATGGGCG AACAATATAG      60
GAAGGATCAA GAGGTTGACA TCGCCTCGTC GAGCCAACGA ACCTGTGAAC ATCTGCATGT      120
15 TGACAAGATC AACGGCGGCT ACCTACTGTG GTGGCCAGT GACGGGTGCG CGCACATCGC      180
GCTGGGGAGA TTCTTTGAAT TTCGCCCGTA GCACCGACCT GGAAAGCGAG CAAATGCTCC      240

20 G GTG AAT GGG ATC AGT GAT TCC CCG CGT CAA TTG ATC ACC CTT CTG      286
    Met Asn Gly Ile Ser Asp Ser Pro Arg Gln Leu Ile Thr Leu Leu
      1             5             10             15

    GGC GCT TCC GGC TTC GTC GGG AGC GCG GTT CTG CGC GAG CTG CGC GAC      334
25 Gly Ala Ser Gly Phe Val Gly Ser Ala Val Leu Arg Glu Leu Arg Asp
      20             25             30

    CAC CCG GTC CGG CTG CGC GCG GTG TCC CGC GGC GGA GCG CCC GCG GTT      382
    His Pro Val Arg Leu Arg Ala Val Ser Arg Gly Gly Ala Pro Ala Val
30             35             40             45

    CCG CCC GGC GCC GCG GAG GTC GAG GAC CTG CGC GCC GAC CTG CTG GAA      430
    Pro Pro Gly Ala Ala Glu Val Glu Asp Leu Arg Ala Asp Leu Leu Glu
      50             55             60

35 CCG GGC CGG GCC GCC GCC GCG ATC GAG GAC GCC GAC GTG ATC GTG CAC      478
    Pro Gly Arg Ala Ala Ala Ala Ile Glu Asp Ala Asp Val Ile Val His
      65             70             75

40 CTG GTG GCG CAC GCA GCG GCG GGT TCC ACC TGG CGC AGC GCC ACC TCC      526
    Leu Val Ala His Ala Ala Gly Gly Ser Thr Trp Arg Ser Ala Thr Ser
      80             85             90             95

    GAC CCG GAA GCC GAG CGG GTC AAC GTC GGC CTG ATG CAC GAC CTC GTC      574
45 Asp Pro Glu Ala Glu Arg Val Asn Val Gly Leu Met His Asp Leu Val
      100             105             110

```

	GGC GCG CTG CAC GAT CCG CGC AGG TCG ACG CCG CCC GTG TTG CTC TAC	622
	Gly Ala Leu His Asp Arg Arg Arg Ser Thr Pro Pro Val Leu Leu Tyr	
	115 120 125	
5	GCG AGC ACC GCA CAG GCC GCG AAC CCG TCG GCG GCC AGC AGG TAC GCG	670
	Ala Ser Thr Ala Gln Ala Ala Asn Pro Ser Ala Ala Ser Arg Tyr Ala	
	130 135 140	
	CAG CAG AAG ACC GAG GCC GAG CGC ATC CTG CGC AAA GCC ACC GAC GAG	718
10	Gln Gln Lys Thr Glu Ala Glu Arg Ile Leu Arg Lys Ala Thr Asp Glu	
	145 150 155	
	GGC CGG GTG CGC GGC GTG ATC CTG CGG CTG CCC GCC GTC TAC GGC CAG	766
	Gly Arg Val Arg Gly Val Ile Leu Arg Leu Pro Ala Val Tyr Gly Gln	
15	160 165 170 175	
	AGC GGC CCG TCC GGC CCC ATG GGG CGG GGC GTG GTC GCA GCG ATG ATC	814
	Ser Gly Pro Ser Gly Pro Met Gly Arg Gly Val Val Ala Ala Met Ile	
	180 185 190	
20	CGG CGT GCC CTC GCC GGC GAG CCG CTC ACC ATG TGG CAC GAC GGC GGC	862
	Arg Arg Ala Leu Ala Gly Glu Pro Leu Thr Met Trp His Asp Gly Gly	
	195 200 205	
25	GTG CGC CGC GAC CTG CTG CAC GTC GAG GAC GTG GCC ACC GCG TTC GCC	910
	Val Arg Arg Asp Leu Leu His Val Glu Asp Val Ala Thr Ala Phe Ala	
	210 215 220	
	GCC GCG CTG GAG CAC CAC GAC GCG CTG GCC GGC GGC ACG TGG GCG CTG	958
30	Ala Ala Leu Glu His His Asp Ala Leu Ala Gly Gly Thr Trp Ala Leu	
	225 230 235	
	GGC GCC GAC CGA TCC GAG CCG CTC GGC GAC ATC TTC CGG GCC GTC TCC	1006
	Gly Ala Asp Arg Ser Glu Pro Leu Gly Asp Ile Phe Arg Ala Val Ser	
35	240 245 250 255	
	GGC AGC GTC GCC CGG CAG ACC GGC AGC CCC GCC GTC GAC GTG GTC ACC	1054
	Gly Ser Val Ala Arg Gln Thr Gly Ser Pro Ala Val Asp Val Val Thr	
	260 265 270	
40	GTG CCC GCG CCC GAG CAC GCC GAG GCC AAC GAC TTC CGC AGC GAC GAC	1102
	Val Pro Ala Pro Glu His Ala Glu Ala Asn Asp Phe Arg Ser Asp Asp	
	275 280 285	

	ATC GAC TCC ACC GAG TTC CGC AGC CGG ACC GGC TGG CGC CCC CGG GTT	1150
	Ile Asp Ser Thr Glu Phe Arg Ser Arg Thr Gly Trp Arg Pro Arg Val	
	290 295 300	
5	TCC CTC ACC GAC GGC ATC GAC CGG ACG GTG GCC GCC CTG ACC CCC ACC	1198
	Ser Leu Thr Asp Gly Ile Asp Arg Thr Val Ala Ala Leu Thr Pro Thr	
	305 310 315	
	GAG GAG CAC TA GTG CGG GTA CTG CTG ACG TCC TTC GCG CAC CGC ACG	1245
10	Glu Glu His Met Arg Val Leu Leu Thr Ser Phe Ala His Arg Thr	
	320 1 5 10	
	CAC TTC CAG GGA CTG GTC CCG CTG GCG TGG GCG CTG CGC ACC GCG GGT	1293
	His Phe Gln Gly Leu Val Pro Leu Ala Trp Ala Leu Arg Thr Ala Gly	
15	15 20 25	
	CAC GAC GTG CGC GTG GCC GCC CAG CCC GCG CTC ACC GAC GCG GTC ATC	1341
	His Asp Val Arg Val Ala Ala Gln Pro Ala Leu Thr Asp Ala Val Ile	
	30 35 40	
20	GGC GCC GGT CTC ACC GCG GTA CCC GTC GGC TCC GAC CAC CGG CTG TTC	1389
	Gly Ala Gly Leu Thr Ala Val Pro Val Gly Ser Asp His Arg Leu Phe	
	45 50 55 60	
25	GAC ATC GTC CCG GAA GTC GCC GCT CAG GTG CAC CGC TAC TCC TTC TAC	1437
	Asp Ile Val Pro Glu Val Ala Ala Gln Val His Arg Tyr Ser Phe Tyr	
	65 70 75	
	CTG GAC TTC TAC CAC CGC GAG CAG GAG CTG CAC TCG TGG GAG TTC CTG	1485
30	Leu Asp Phe Tyr His Arg Glu Gln Glu Leu His Ser Trp Glu Phe Leu	
	80 85 90	
	CTC GGC ATG CAG GAG GCC ACC TCG CGG TGG GTA TAC CCG GTG GTC AAC	1533
	Leu Gly Met Gln Glu Ala Thr Ser Arg Trp Val Tyr Pro Val Val Asn	
35	95 100 105	
	AAC GAC TCC TTC GTC GCC GAG CTG GTC GAC TTC GCC CGG GAC TGG CGT	1581
	Asn Asp Ser Phe Val Ala Glu Leu Val Asp Phe Ala Arg Asp Trp Arg	
	110 115 120	
40	CCT GAC CTG GTG CTC TGG GAG CCG TTC ACC TTC GCC GGC GCC GTC GCG	1629
	Pro Asp Leu Val Leu Trp Glu Pro Phe Thr Phe Ala Gly Ala Val Ala	
	125 130 135 140	

16

	GCC	CGG	GCC	TGC	GGA	GCC	GCG	CAC	GCC	CGG	CTG	CTG	TGG	GGC	AGC	GAC	1677
	Ala	Arg	Ala	Cys	Gly	Ala	Ala	His	Ala	Arg	Leu	Leu	Trp	Gly	Ser	Asp	
						145				150					155		
5	CTC	ACC	GGC	TAC	TTC	CGC	GGC	CGG	TTC	CAG	GCG	CAA	CGC	CTG	CGA	CGG	1725
	Leu	Thr	Gly	Tyr	Phe	Arg	Gly	Arg	Phe	Gln	Ala	Gln	Arg	Leu	Arg	Arg	
					160				165					170			
	CCG	CCG	GAG	GAC	CGG	CCG	GAC	CCG	CTG	GGC	ACG	TGG	CTG	ACC	GAG	GTC	1773
10	Pro	Pro	Glu	Asp	Arg	Pro	Asp	Pro	Leu	Gly	Thr	Trp	Leu	Thr	Glu	Val	
			175					180					185				
	GCG	GGG	CGC	TTC	GGC	GTC	GAA	TTC	GGC	GAG	GAC	CTC	GCG	GTC	GGG	CAG	1821
	Ala	Gly	Arg	Phe	Gly	Val	Glu	Phe	Gly	Glu	Asp	Leu	Ala	Val	Gly	Gln	
15		190						195				200					
	TGG	TCG	GTC	GAC	CAG	TTG	CCG	CCG	AGT	TTC	CGG	CTG	GAC	ACC	GGA	ATG	1869
	Trp	Ser	Val	Asp	Gln	Leu	Pro	Pro	Ser	Phe	Arg	Leu	Asp	Thr	Gly	Met	
	205					210					215				220		
20	GAA	ACC	GTT	GTC	GCG	CGG	ACC	CTG	CCC	TAC	AAC	GGC	GCG	TCG	GTG	GTT	1917
	Glu	Thr	Val	Val	Ala	Arg	Thr	Leu	Pro	Tyr	Asn	Gly	Ala	Ser	Val	Val	
					225					230				235			
	CCG	GAC	TGG	CTC	AAG	AAG	GGC	AGT	GCG	ACT	CGA	CGC	ATC	TGC	ATT	ACC	1965
	Pro	Asp	Trp	Leu	Lys	Lys	Gly	Ser	Ala	Thr	Arg	Arg	Ile	Cys	Ile	Thr	
				240					245				250				
	GGA	GGG	TTC	TCC	GGA	CTC	GGG	CTC	GCC	GCC	GAT	GCC	GAT	CAG	TTC	GCG	2013
30	Gly	Gly	Phe	Ser	Gly	Leu	Gly	Leu	Ala	Ala	Asp	Ala	Asp	Gln	Phe	Ala	
			255					260					265				
	CGG	ACG	CTC	GCG	CAG	CTC	GCG	CGA	TTC	GAT	GGC	GAA	ATC	GTG	GTT	ACG	2061
	Arg	Thr	Leu	Ala	Gln	Leu	Ala	Arg	Phe	Asp	Gly	Glu	Ile	Val	Val	Thr	
35		270						275				280					
	GGT	TCC	GGT	CCG	GAT	ACC	TCC	GCG	GTA	CCG	GAC	AAC	ATT	CGT	TTG	GTG	2109
	Gly	Ser	Gly	Pro	Asp	Thr	Ser	Ala	Val	Pro	Asp	Asn	Ile	Arg	Leu	Val	
	285					290					295				300		
40	GAT	TTC	GTT	CCG	ATG	GGC	GTT	CTG	CTC	CAG	AAC	TGC	GCG	GCG	ATC	ATC	2157
	Asp	Phe	Val	Pro	Met	Gly	Val	Leu	Leu	Gln	Asn	Cys	Ala	Ala	Ile	Ile	
					305					310					315		

	CAC CAC GGC GGG GCC GGA ACC TGG GCC ACG GCA CTG CAC CAC GGA ATT	2205
	His His Gly Gly Ala Gly Thr Trp Ala Thr Ala Leu His His Gly Ile	
	320 325 330	
5	CCG CAA ATA TCA GTT GCA CAT GAA TGG GAT TGC ATG CTA CGC GGC CAG	2253
	Pro Gln Ile Ser Val Ala His Glu Trp Asp Cys Met Leu Arg Gly Gln	
	335 340 345	
	CAG ACC GCG GAA CTG GGC GCG GGA ATC TAC CTC CGG CCG GAC GAG GTC	2301
10	Gln Thr Ala Glu Leu Gly Ala Gly Ile Tyr Leu Arg Pro Asp Glu Val	
	350 355 360	
	GAT GCC GAC TCA TTG GCG AGC GCC CTC ACC CAG GTG GTC GAG GAC CCC	2349
	Asp Ala Asp Ser Leu Ala Ser Ala Leu Thr Gln Val Val Glu Asp Pro	
15	365 370 375 380	
	ACC TAC ACC GAG AAC GCG GTG AAG CTT CGC GAG GAG GCG CTG TCC GAC	2397
	Thr Tyr Thr Glu Asn Ala Val Lys Leu Arg Glu Glu Ala Leu Ser Asp	
	385 390 395	
20	CCG ACG CCG CAG GAG ATC GTC CCG CGA CTG GAG GAA CTC ACG CGC CGC	2445
	Pro Thr Pro Gln Glu Ile Val Pro Arg Leu Glu Glu Leu Thr Arg Arg	
	400 405 410	
25	CAC GCC GGC TAGCGGTTC CGACCGACAA GTCCGTCCGA CAGCACACCT	2494
	His Ala Gly	
	415	
	CCGAGGGGAG CAGGG ATG TAC GAG GGC GGG TTC GCC GAG CTT TAC GAC CGG	2545
30	Met Tyr Glu Gly Gly Phe Ala Glu Leu Tyr Asp Arg	
	1 5 10	
	TTC TAC CGC GGC CGG GGC AAG GAC TAC GCG GCC GAG GCC GCG CAG GTC	2593
	Phe Tyr Arg Gly Arg Gly Lys Asp Tyr Ala Ala Glu Ala Ala Gln Val	
35	15 20 25	
	GCG CGG CTG GTC AGA GAC CGC CTG CCC TCG GCT TCC TCG CTG CTC GAC	2641
	Ala Arg Leu Val Arg Asp Arg Leu Pro Ser Ala Ser Ser Leu Leu Asp	
	30 35 40	
40	GTG GCC TGC GGG ACC GGC ACC CAC CTG CGC CGG TTC GCC GAC CTC TTC	2689
	Val Ala Cys Gly Thr Gly Thr His Leu Arg Arg Phe Ala Asp Leu Phe	
	45 50 55 60	

	GAC GAC GTG ACC GGG CTG GAG CTG TCG GCG GCG ATG ATC GAG GTC GCC	2737
	Asp Asp Val Thr Gly Leu Glu Leu Ser Ala Ala Met Ile Glu Val Ala	
	65 70 75	
5	CGG CCG CAG CTC GGC GGC ATC CCG GTG CTG CAG GGC GAC ATG CGC GAC	2785
	Arg Pro Gln Leu Gly Gly Ile Pro Val Leu Gln Gly Asp Met Arg Asp	
	80 85 90	
	TTC GCG CTG GAT CGC GAG TTC GAC GCC GTC ACC TGC ATG TTC AGC TCC	2833
10	Phe Ala Leu Asp Arg Glu Phe Asp Ala Val Thr Cys Met Phe Ser Ser	
	95 100 105	
	ATC GGG CAC ATG CGC GAC GGC GCC GAG CTG GAC CAG GCG CTG GCG TCC	2881
	Ile Gly His Met Arg Asp Gly Ala Glu Leu Asp Gln Ala Leu Ala Ser	
15	110 115 120	
	TTC GCC CGC CAC CTC GCC CCC GGC GGC GTC GTG GTG GTC GAA CCG TGG	2929
	Phe Ala Arg His Leu Ala Pro Gly Gly Val Val Val Val Glu Pro Trp	
	125 130 135 140	
20	TGG TTC CCG GAG GAC TTC CTC GAC GGC TAC GTG GCC GGT GAC GTG GTG	2977
	Trp Phe Pro Glu Asp Phe Leu Asp Gly Tyr Val Ala Gly Asp Val Val	
	145 150 155	
25	CGC GAC GGC GAC CTG ACG ATC TCG CGC GTC TCG CAC TCC GTG CGC GCC	3025
	Arg Asp Gly Asp Leu Thr Ile Ser Arg Val Ser His Ser Val Arg Ala	
	160 165 170	
	GGC GGC GCG ACC CGG ATG GAG ATC CAC TGG GTC GTG GCC GAC GCG GTG	3073
30	Gly Gly Ala Thr Arg Met Glu Ile His Trp Val Val Ala Asp Ala Val	
	175 180 185	
	AAC GGT CCG CGG CAC CAC GTG GAG CAC TAC GAG ATC ACG CTC TTC GAG	3121
	Asn Gly Pro Arg His His Val Glu His Tyr Glu Ile Thr Leu Phe Glu	
35	190 195 200	
	CGG CAG CAG TAC GAG AAG GCC TTC ACC GCG GCC GGT TGC GCT GTG CAG	3169
	Arg Gln Gln Tyr Glu Lys Ala Phe Thr Ala Ala Gly Cys Ala Val Gln	
	205 210 215 220	
40	TAC CTG GAG GGC GGA CCC TCC GGA CGC GGG TTG TTC GTC GGT GTG CGC	3217
	Tyr Leu Glu Gly Gly Pro Ser Gly Arg Gly Leu Phe Val Gly Val Arg	
	225 230 235	
45	GGA TGACCCGTGC GTTCGCGTIT TCCGTTCTGT GCACAGGTGA TCCGCTCCAC	3270
	Gly	

	GGGCCCCTTTC CCCGCCGTGA CCGGACCCTT ACAGTGA GTG CGG GTC TTG ATC GAC	3325
	Met Arg Val Leu Ile Asp	
	1 5	
5	AAC GCC CGG CGG CAG CAA GCG GAG CCG TCG ACG ACA CCG CAG GGA GAG	3373
	Asn Ala Arg Arg Gln Gln Ala Glu Pro Ser Thr Thr Pro Gln Gly Glu	
	10 15 20	
10	TCG ATG GGT GAT CGG ACC GGC GAC CGG ACG ATT CCG GAA TCC TCG CAG	3421
	Ser Met Gly Asp Arg Thr Gly Asp Arg Thr Ile Pro Glu Ser Ser Gln	
	25 30 35	
	ACC GCA ACG CGT TTC CTG CTC GGC GAC GGC GGA ATC CCC ACC GCC ACG	3469
15	Thr Ala Thr Arg Phe Leu Leu Gly Asp Gly Gly Ile Pro Thr Ala Thr	
	40 45 50	
	GCG GAA ACC CAC GAC TGG CTG ACC CGC AAC GGC GCC GAG CAG CGG CTC	3517
	Ala Glu Thr His Asp Trp Leu Thr Arg Asn Gly Ala Glu Gln Arg Leu	
20	55 60 65 70	
	GAG GTG GCG CGC GTG CCG TTC AGC GCC ATG GAC CGC TGG TCG TTC CAG	3565
	Glu Val Ala Arg Val Pro Phe Ser Ala Met Asp Arg Trp Ser Phe Gln	
	75 80 85	
25	CCC GAG GAC GGC AGG CTC GCC CAC GAG TCC GGG CGC TTC TTC TCC ATC	3613
	Pro Glu Asp Gly Arg Leu Ala His Glu Ser Gly Arg Phe Phe Ser Ile	
	90 95 100	
30	GAG GGC CTG CAC GTG CGG ACG AAC TTC GGC TGG CGG CGG GAC TGG ATC	3661
	Glu Gly Leu His Val Arg Thr Asn Phe Gly Trp Arg Arg Asp Trp Ile	
	105 110 115	
	CAG CCC ATC ATC GTG CAG CCC GAG ATC GGC TTC CTC GGC CTC ATC GTC	3709
35	Gln Pro Ile Ile Val Gln Pro Glu Ile Gly Phe Leu Gly Leu Ile Val	
	120 125 130	
	AAG GAG TTC GAC GGT GTG CTG CAC GTG CTG GCG CAG GCC AAG GCC GAG	3757
	Lys Glu Phe Asp Gly Val Leu His Val Leu Ala Gln Ala Lys Ala Glu	
40	135 140 145 150	
	CCG GGC AAC ATC AAC GCC GTC CAG CTC TCC CCG ACC CTG CAG GCG ACC	3805
	Pro Gly Asn Ile Asn Ala Val Gln Leu Ser Pro Thr Leu Gln Ala Thr	
	155 160 165	

20

	CGC	AGC	AAC	TAC	ACC	GGC	GTC	CAC	CGC	GGC	TCG	AAG	GTC	CGG	TTC	ATC	3853
	Arg	Ser	Asn	Tyr	Thr	Gly	Val	His	Arg	Gly	Ser	Lys	Val	Arg	Phe	Ile	
					170					175						180	
5	GAG	TAC	TTC	AAC	GGC	ACG	CGC	CCG	AGC	CGG	ATC	CTC	GTC	GAC	GTG	CTC	3901
	Glu	Tyr	Phe	Asn	Gly	Thr	Arg	Pro	Ser	Arg	Ile	Leu	Val	Asp	Val	Leu	
					185					190						195	
	CAG	TCC	GAG	CAG	GGC	GCG	TGG	TTC	CTG	CGC	AAG	CGC	AAC	CGG	AAC	ATG	3949
10	Gln	Ser	Glu	Gln	Gly	Ala	Trp	Phe	Leu	Arg	Lys	Arg	Asn	Arg	Asn	Met	
					200					205						210	
	GTC	GTC	GAG	GTG	TTC	GAC	GAC	CTG	CCC	GAG	CAC	CCG	AAC	TTC	CGG	TGG	3997
	Val	Val	Glu	Val	Phe	Asp	Asp	Leu	Pro	Glu	His	Pro	Asn	Phe	Arg	Trp	
15			215					220						225		230	
	CTG	ACC	GTC	GCG	CAG	CTG	CGG	GCG	ATG	CTG	CAC	CAC	GAC	AAC	GTG	GTG	4045
	Leu	Thr	Val	Ala	Gln	Leu	Arg	Ala	Met	Leu	His	His	Asp	Asn	Val	Val	
					235					240						245	
20	AAC	ATG	GAC	CTG	CGC	ACC	GTG	CTG	GCC	TGC	GTC	CCG	ACC	GCC	GTG	GAG	4093
	Asn	Met	Asp	Leu	Arg	Thr	Val	Leu	Ala	Cys	Val	Pro	Thr	Ala	Val	Glu	
					250					255						260	
25	CGG	GAC	CGG	GCC	GAC	GAC	GTG	CTC	GCG	CGC	CTG	CCC	GAG	GGC	TCG	TTC	4141
	Arg	Asp	Arg	Ala	Asp	Asp	Val	Leu	Ala	Arg	Leu	Pro	Glu	Gly	Ser	Phe	
					265					270						275	
	CAG	GCC	CGG	CTG	CTG	CAC	TCG	TTC	ATC	GGC	GCG	GGC	ACC	CCG	GCC	AAC	4189
30	Gln	Ala	Arg	Leu	Leu	His	Ser	Phe	Ile	Gly	Ala	Gly	Thr	Pro	Ala	Asn	
					280					285						290	
	AAC	ATG	AAC	AGC	CTG	CTG	AGC	TGG	ATC	TCC	GAC	GTG	CGC	GCC	AGG	CGC	4237
	Asn	Met	Asn	Ser	Leu	Leu	Ser	Trp	Ile	Ser	Asp	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	
35					295					300						305	
	GAG	TTC	GTG	CAG	CGC	GGC	CGC	CCG	CTG	CCC	GAC	ATC	GAG	CGC	AGC	GGG	4285
	Glu	Phe	Val	Gln	Arg	Gly	Arg	Pro	Leu	Pro	Asp	Ile	Glu	Arg	Ser	Gly	
					315					320						325	
40	TGG	ATC	CGC	CGC	GAC	GAC	GGC	ATC	GAG	CAC	GAG	GAG	AAG	AAG	TAC	TTC	4333
	Trp	Ile	Arg	Arg	Asp	Asp	Gly	Ile	Glu	His	Glu	Glu	Lys	Lys	Tyr	Phe	
					330					335						340	

45

	GAC GTC TTC GGC GTC ACG GTG GCG ACC AGC GAC CGC GAG GTC AAC TCG	4381
	Asp Val Phe Gly Val Thr Val Ala Thr Ser Asp Arg Glu Val Asn Ser	
	345 350 355	
5	TGG ATG CAG CCG CTG CTC TCG CCC GCC AAC AAC GGC CTG CTC GCC CTG	4429
	Trp Met Gln Pro Leu Leu Ser Pro Ala Asn Asn Gly Leu Leu Ala Leu	
	360 365 370	
	CTG GTC AAG GAC ATC GGC GGC ACG TTG CAC GCG CTC GTG CAG CTG CGC	4477
10	Leu Val Lys Asp Ile Gly Gly Thr Leu His Ala Leu Val Gln Leu Arg	
	375 380 385 390	
	ACC GAG GCG GGC GGG ATG GAC GTC GCC GAG CTG GCG CCT ACG GTG CAC	4525
	Thr Glu Ala Gly Gly Met Asp Val Ala Glu Leu Ala Pro Thr Val His	
15	395 400 405	
	TGC CAG CCC GAC AAC TAC GCC GAC GCG CCC GAG GAG TTC CGA CCG GCC	4573
	Cys Gln Pro Asp Asn Tyr Ala Asp Ala Pro Glu Glu Phe Arg Pro Ala	
	410 415 420	
20	TAT GTG GAC TAC GTG TTG AAC GTG CCG CGC TCG CAG GTC CGC TAC GAC	4621
	Tyr Val Asp Tyr Val Leu Asn Val Pro Arg Ser Gln Val Arg Tyr Asp	
	425 430 435	
25	GCA TGG CAC TCC GAG GAG GGC GGC CGG TTC TAC CGC AAC GAG AAC CGG	4669
	Ala Trp His Ser Glu Glu Gly Gly Arg Phe Tyr Arg Asn Glu Asn Arg	
	440 445 450	
	TAC ATG CTG ATC GAG GTG CCC GCC GAC TTC GAC GCC AGT GCC GCT CCC	4717
30	Tyr Met Leu Ile Glu Val Pro Ala Asp Phe Asp Ala Ser Ala Ala Pro	
	455 460 465 470	
	GAC CAC CGG TGG ATG ACC TTC GAC CAG ATC ACC TAC CTG CTC GGG CAC	4765
	Asp His Arg Trp Met Thr Phe Asp Gln Ile Thr Tyr Leu Leu Gly His	
35	475 480 485	
	AGC CAC TAC GTC AAC ATC CAG CTG CGC AGC ATC ATC GCG TGC GCC TCG	4813
	Ser His Tyr Val Asn Ile Gln Leu Arg Ser Ile Ile Ala Cys Ala Ser	
	490 495 500	
40	GCC GTC TAC ACC AGG ACC GCC GGA TGAAACGCGC GCTGACCGAC CTGCGCATCT	4867
	Ala Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gly	
	505 510	
45	TCGGCGGCC CGAGGCATTC CTGCACACCC TCTACGTGGG CAGGCCGACC GTCGGGGACC	4927

	GGGAGCGGTT	CTTCGCCCGC	CTGGAGTGGG	CGCTGAACAA	CAACTGGCTG	ACCAACGGCG	4987
	GACCACTGGT	GCGCGAGTTC	GAGGGCCGGG	TCGCCGACCT	GGCGGGTGTC	CGCCACTGCG	5047
5	TGGCCACCTG	CAACGCGACG	GTCGCGCTGC	AACTGGTGCT	GCGCGCGAGC	GACGTGTCCG	5107
	GCGAGGTTCG	CATGCCTTCG	ATGACGTTTC	CGGCCACCGC	GCACGCGGCG	AGCTGGCTGG	5167
	GGCTGGAACC	GGTGTCTGTC	GACGTGGACC	CCGAGACCGG	CCTGTCTGAC	CCCAGACACG	5227
10	TCGCGTCGCT	GGTGACACCG	CGGACGGGCG	CGATCATCGG	CGTGCACCTG	TGGGGCAGGC	5287
	CCGCTCCGGT	CGAGGCGCTG	GAGAAGATCG	CCGCCGAGCA	CCAGGTCAAA	CTCTTCTTCG	5347
15	ACGCCGCGCA	GCGCTGGGG	TGCACCGCCG	GCGGGCGGCC	GGTCGGCGCC	TCGGGCAACG	5407
	CCGAGGTGTT	CAGCTTCCAC	GCCACGAAGG	CGGTCACCTC	GTTCGAGGGC	GGCGCCATCG	5467
	TCACCGACGA	CGGGCTGCTG	GCCGACCGCA	TCCGCGCCAT	GCACAACTTC	GGGATCGCAC	5527
20	CGGACAAGCT	GGTGACCGAT	GTCGGCACCA	ACGGCAAGAT	GAGCGAGTGC	GCCGCGGCGA	5587
	TGGGCTTCAC	CTCGCTCGAC	GCCTTCGCCG	AGACCAGGGT	GCACAAACCG	CTCAACACAG	5647
25	CGCTCTACTC	CGACGAGCTC	CGCGACGTGC	GCGGCATATC	CGTGACGCGC	TTCGATCCTG	5707
	GCGAGCAGAA	CAACTACCAG	TACGTGATCA	TCTCGGTGGA	CTCCGCGGCC	ACCGGCATCG	5767
	ACCGCGACCA	GTTGCAGGCG	ATCCTGCGAG	CGGAGAAGGT	TGTGGCACAA	CCCTACTTCT	5827
30	CCCCGGGTG	CCACCAGATG	CAGCCGTACC	GGACCGAGCC	GCCGCTGCGG	CTGGAGAACA	5887
	CCGAACAGCT	CTCCGACCGG	TGCTCGCGC	TGCCCACCGG	CCCCGCGGTG	TCCAGCGAGG	5947
35	ACATCCGGCG	GGTGTGCGAC	ATCATCCGGC	TCGCCGCCAC	CAGCGCGGAG	CTGATCAACG	6007
	CGCAATGGGA	CCAGAGGACG	CGCAACGGTT	CGTGACGACC	TGCGCCACAA	GTGCCAGGAG	6067
	GTTCGCTCCC	CG ATG AAC ACA ACT CGT ACG GCA ACC GCC CAG GAA GCG					6115
40		Met Asn Thr Thr Arg Thr Ala Thr Ala Gln Glu Ala					
		1	5	10			
	GGG GTC GCC GAC GCG GCG CGC CCG GAC GTC GAC CGG CGG GCG GTC GTG						6163
	Gly Val Ala Asp Ala Ala Arg Pro Asp Val Asp Arg Arg Ala Val Val						
45	15	20	25				

	CGG GCG CTG AGC TCG GAG GTC TCC CGC GTC ACC GGC GCC GGT GAC GGT	6211
	Arg Ala Leu Ser Ser Glu Val Ser Arg Val Thr Gly Ala Gly Asp Gly	
	30 35 40	
5	GAC GCC GAC GTG CAG GCC GCC CGG CTC GCC GAC CTC GCC GCG CAC TAC	6259
	Asp Ala Asp Val Gln Ala Ala Arg Leu Ala Asp Leu Ala Ala His Tyr	
	45 50 55 60	
	GGG GCG CAC CCG TTC ACG CCG CTG GAG CAG ACG CGT GCG CCG CTC GGC	6307
10	Gly Ala His Pro Phe Thr Pro Leu Glu Gln Thr Arg Ala Arg Leu Gly	
	65 70 75	
	CTG GAC CGC GCG GAG TTC GCC CAC CTG CTC GAC CTG TTC GGC CGC ATC	6355
	Leu Asp Arg Ala Glu Phe Ala His Leu Leu Asp Leu Phe Gly Arg Ile	
15	80 85 90	
	CCG GAC CTG GGC ACC GCG GTG GAG CAC GGT CCG GCG GGC AAG TAC TGG	6403
	Pro Asp Leu Gly Thr Ala Val Glu His Gly Pro Ala Gly Lys Tyr Trp	
	95 100 105	
20	TCC AAC ACG ATC AAG CCG CTG GAC GCC GCA GGC GCA CTG GAC GCG GCG	6451
	Ser Asn Thr Ile Lys Pro Leu Asp Ala Ala Gly Ala Leu Asp Ala Ala	
	110 115 120	
25	GTC TAC CGC AAG CCT GCC TTC CCC TAC AGC GTC GGC CTG TAC CCC GGG	6499
	Val Tyr Arg Lys Pro Ala Phe Pro Tyr Ser Val Gly Leu Tyr Pro Gly	
	125 130 135 140	
	CCG ACG TGC ATG TTC CGC TGC CAC TTC TGC GTG CCG GTG ACC GGT GCC	6547
30	Pro Thr Cys Met Phe Arg Cys His Phe Cys Val Arg Val Thr Gly Ala	
	145 150 155	
	CGC TAC GAG GCC GCA TCG GTC CCG GCG GGC AAC GAG ACG CTG GCC GCG	6595
	Arg Tyr Glu Ala Ala Ser Val Pro Ala Gly Asn Glu Thr Leu Ala Ala	
35	160 165 170	
	ATC ATC GAC GAG GTG CCC ACG GAC AAC CCG AAG GCG ATG TAC ATG TCG	6643
	Ile Ile Asp Glu Val Pro Thr Asp Asn Pro Lys Ala Met Tyr Met Ser	
	175 180 185	
40	GGC GGG CTC GAG CCG CTG ACC AAC CCC GGT CTC GGC GAG CTG GTG TCG	6691
	Gly Gly Leu Glu Pro Leu Thr Asn Pro Gly Leu Gly Glu Leu Val Ser	
	190 195 200	

24

	CAC	GCC	GCC	GGG	CGC	GGT	TTC	GAC	CTC	ACC	GTC	TAC	ACC	AAC	GCC	TTC	6739
	His	Ala	Ala	Gly	Arg	Gly	Phe	Asp	Leu	Thr	Val	Tyr	Thr	Asn	Ala	Phe	
	205					210					215					220	
5	GCC	CTC	ACC	GAG	CAG	ACG	CTG	AAC	CGC	CAG	CCC	GGC	CTG	TGG	GAG	CTG	6787
	Ala	Leu	Thr	Glu	Gln	Thr	Leu	Asn	Arg	Gln	Pro	Gly	Leu	Trp	Glu	Leu	
				225					230					235			
	GGC	GCG	ATC	CGC	ACG	TCC	CTC	TAC	GGG	CTG	AAC	AAC	GAC	GAG	TAC	GAG	6835
10	Gly	Ala	Ile	Arg	Thr	Ser	Leu	Tyr	Gly	Leu	Asn	Asn	Asp	Glu	Tyr	Glu	
				240					245					250			
	ACG	ACC	ACC	GGC	AAG	CGC	GGC	GCT	TTC	GAA	CGC	GTC	AAG	AAG	AAC	CTG	6883
	Thr	Thr	Thr	Gly	Lys	Arg	Gly	Ala	Phe	Glu	Arg	Val	Lys	Lys	Asn	Leu	
15			255					260					265				
	CAG	GGC	TTC	CTG	CGG	ATG	CGC	GCC	GAG	CGG	GAC	GCG	CCG	ATC	CGG	CTC	6931
	Gln	Gly	Phe	Leu	Arg	Met	Arg	Ala	Glu	Arg	Asp	Ala	Pro	Ile	Arg	Leu	
			270				275					280					
20	GGC	TTC	AAC	CAC	ATC	ATC	CTG	CCG	GGA	CGG	GCC	GAC	CGG	CTC	ACC	GAC	6979
	Gly	Phe	Asn	His	Ile	Ile	Leu	Pro	Gly	Arg	Ala	Asp	Arg	Leu	Thr	Asp	
	285				290					295					300		
25	CTC	GTC	GAC	TTC	ATC	GCC	GAG	CTC	AAC	GAG	TCC	AGC	CCG	CAA	CGG	CCG	7027
	Leu	Val	Asp	Phe	Ile	Ala	Glu	Leu	Asn	Glu	Ser	Ser	Pro	Gln	Arg	Pro	
				305						310					315		
	CTG	GAC	TTC	GTG	ACG	GTG	CGC	GAG	GAC	TAC	AGC	GGC	CGC	GAC	GAC	GGC	7075
30	Leu	Asp	Phe	Val	Thr	Val	Arg	Glu	Asp	Tyr	Ser	Gly	Arg	Asp	Asp	Gly	
				320					325					330			
	CGG	CTG	TCG	GAC	TCC	GAG	CGC	AAC	GAG	CTG	CGC	GAG	GGC	CTG	GTG	CGG	7123
	Arg	Leu	Ser	Asp	Ser	Glu	Arg	Asn	Glu	Leu	Arg	Glu	Gly	Leu	Val	Arg	
35			335				340						345				
	TTC	GTC	GAC	TAC	GCC	GCC	GAG	CGG	ACC	CCG	GGC	ATG	CAC	ATC	GAC	CTG	7171
	Phe	Val	Asp	Tyr	Ala	Ala	Glu	Arg	Thr	Pro	Gly	Met	His	Ile	Asp	Leu	
		350					355					360					
40	GGC	TAC	GCC	CTG	GAG	AGC	CTG	CGG	CGG	GGT	GTG	GAC	GCC	GAG	CTG	CTG	7219
	Gly	Tyr	Ala	Leu	Glu	Ser	Leu	Arg	Arg	Gly	Val	Asp	Ala	Glu	Leu	Leu	
	365					370					375				380		

45

25

	CGC	ATC	CGG	CCG	GAG	ACG	ATG	CGT	CCC	ACC	GCG	CAC	CCC	CAG	GTC	GCG	7267
	Arg	Ile	Arg	Pro	Glu	Thr	Met	Arg	Pro	Thr	Ala	His	Pro	Gln	Val	Ala	
					385					390					395		
5	GTG	CAG	ATC	GAC	CTG	CTC	GGC	GAC	GTC	TAC	CTC	TAC	CGC	GAG	GCG	GGC	7315
	Val	Gln	Ile	Asp	Leu	Leu	Gly	Asp	Val	Tyr	Leu	Tyr	Arg	Glu	Ala	Gly	
				400					405					410			
	TTC	CCG	GAG	CTG	GAG	GGC	GCC	ACC	CGC	TAC	ATC	GCG	GGC	CGG	GTC	ACC	7363
10	Phe	Pro	Glu	Leu	Glu	Gly	Ala	Thr	Arg	Tyr	Ile	Ala	Gly	Arg	Val	Thr	
			415					420						425			
	CCG	TCG	ACC	AGC	CTG	CGC	GAG	GTG	GTG	GAG	AAC	TTC	GTG	CTG	GAG	AAC	7411
15	Pro	Ser	Thr	Ser	Leu	Arg	Glu	Val	Val	Glu	Asn	Phe	Val	Leu	Glu	Asn	
		430					435					440					
	GAG	GGC	GTG	CAG	CCC	CGC	CCC	GGC	GAC	GAG	TAC	TTC	CTC	GAC	GGC	TTC	7459
	Glu	Gly	Val	Gln	Pro	Arg	Pro	Gly	Asp	Glu	Tyr	Phe	Leu	Asp	Gly	Phe	
	445				450					455				460			
20	GAC	CAG	TCG	GTG	ACC	GCA	CGG	CTC	AAC	CAG	CTC	GAA	CGA	GAC	ATC	GCC	7507
	Asp	Gln	Ser	Val	Thr	Ala	Arg	Leu	Asn	Gln	Leu	Glu	Arg	Asp	Ile	Ala	
					465					470				475			
25	GAC	GGG	TGG	GAG	GAC	CAC	CGC	GGC	TTC	CTG	CGC	GGA	AGG	TGA	ACCGGAG		7556
	Asp	Gly	Trp	Glu	Asp	His	Arg	Gly	Phe	Leu	Arg	Gly	Arg				
			480						485								
	TTGCGAGTAC	GTGAGCTGGC	G	GTG	GCG	GGC	GGT	TTC	GAG	TTC	ACC	CCC	GAC				7607
30				Met	Ala	Gly	Gly	Phe	Glu	Phe	Thr	Pro	Asp				
				1				5					10				
	CCG	AAG	CAG	GAC	CGG	CGG	GGC	CTG	TTC	GTG	TCT	CCG	CTG	CAG	GAC	GAG	7655
35	Pro	Lys	Gln	Asp	Arg	Arg	Gly	Leu	Phe	Val	Ser	Pro	Leu	Gln	Asp	Glu	
				15				20					25				
	GCG	TTC	GTG	GGC	GCG	GTG	GGC	CAT	CGG	TTC	CCC	GTC	GCC	CAG	ATG	AAC	7703
	Ala	Phe	Val	Gly	Ala	Val	Gly	His	Arg	Phe	Pro	Val	Ala	Gln	Met	Asn	
			30					35					40				
40	CAC	ATC	GTC	TCC	GCC	CGG	GGC	GTG	CTG	CGC	GGG	CTG	CAC	TTC	ACC	ACC	7751
	His	Ile	Val	Ser	Ala	Arg	Gly	Val	Leu	Arg	Gly	Leu	His	Phe	Thr	Thr	
			45					50					55				

26

	ACC	CCG	CCG	GGG	CAG	TGC	AAG	TAC	GTC	TAC	TGC	GCG	CGC	GGC	CGG	GCG	7799
	Thr	Pro	Pro	Gly	Gln	Cys	Lys	Tyr	Val	Tyr	Cys	Ala	Arg	Gly	Arg	Ala	
	60						65					70					
5	CTC	GAC	GTC	ATC	GTC	GAC	ATC	CGG	GTC	GGC	TCG	CCG	ACG	TTC	GGG	AAG	7847
	Leu	Asp	Val	Ile	Val	Asp	Ile	Arg	Val	Gly	Ser	Pro	Thr	Phe	Gly	Lys	
	75						80				85				90		
	TGG	GAC	GCG	GTG	GAG	ATG	GAC	ACC	GAG	CAC	TTC	CGG	GCG	GTC	TAC	TTC	7895
10	Trp	Asp	Ala	Val	Glu	Met	Asp	Thr	Glu	His	Phe	Arg	Ala	Val	Tyr	Phe	
					95					100					105		
	CCC	AGG	GGC	ACC	GCG	CAC	GCC	TTC	CTC	GCG	CTT	GAG	GAC	GAC	ACC	CTG	7943
	Pro	Arg	Gly	Thr	Ala	His	Ala	Phe	Leu	Ala	Leu	Glu	Asp	Asp	Thr	Leu	
15				110					115					120			
	ATG	TCG	TAC	CTG	GTC	AGC	ACG	CCG	TAC	GTG	GCC	GAG	TAC	GAG	CAG	GCG	7991
	Met	Ser	Tyr	Leu	Val	Ser	Thr	Pro	Tyr	Val	Ala	Glu	Tyr	Glu	Gln	Ala	
			125				130					135					
20	ATC	GAC	CCG	TTC	GAC	CCC	GCG	CTG	GGT	CTG	CCG	TGG	CCC	GCG	GAC	CTG	8039
	Ile	Asp	Pro	Phe	Asp	Pro	Ala	Leu	Gly	Leu	Pro	Trp	Pro	Ala	Asp	Leu	
	140						145					150					
25	GAG	GTC	GTG	CTC	TCC	GAC	CGC	GAC	ACG	GTG	GCC	GTG	GAC	CTG	GAG	ACC	8087
	Glu	Val	Val	Leu	Ser	Asp	Arg	Asp	Thr	Val	Ala	Val	Asp	Leu	Glu	Thr	
	155					160					165				170		
	GCC	AGG	CGG	CGA	GGG	ATG	CTG	CCC	GAC	TAC	GCC	GAC	TGC	CTC	GGC	GAG	8135
30	Ala	Arg	Arg	Arg	Gly	Met	Leu	Pro	Asp	Tyr	Ala	Asp	Cys	Leu	Gly	Glu	
					175					180				185			
	GAG	CCC	GCC	AGC	ACC	GGC	AGG	TGAC									8160
	Glu	Pro	Ala	Ser	Thr	Gly	Arg										
35					190												

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7:

- 40 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 322 acides aminés
 - (B) TYPE: acide aminé
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- 45 (ii) TYPE DE MOLECULE: protéine
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

27

Met Asn Gly Ile Ser Asp Ser Pro Arg Gln Leu Ile Thr Leu Leu Gly
 1 5 10 15

Ala Ser Gly Phe Val Gly Ser Ala Val Leu Arg Glu Leu Arg Asp His
 5 20 25 30

Pro Val Arg Leu Arg Ala Val Ser Arg Gly Gly Ala Pro Ala Val Pro
 35 40 45

10 Pro Gly Ala Ala Glu Val Glu Asp Leu Arg Ala Asp Leu Leu Glu Pro
 50 55 60

Gly Arg Ala Ala Ala Ala Ile Glu Asp Ala Asp Val Ile Val His Leu
 65 70 75 80

15 Val Ala His Ala Ala Gly Gly Ser Thr Trp Arg Ser Ala Thr Ser Asp
 85 90 95

Pro Glu Ala Glu Arg Val Asn Val Gly Leu Met His Asp Leu Val Gly
 20 100 105 110

Ala Leu His Asp Arg Arg Arg Ser Thr Pro Pro Val Leu Leu Tyr Ala
 115 120 125

25 Ser Thr Ala Gln Ala Ala Asn Pro Ser Ala Ala Ser Arg Tyr Ala Gln
 130 135 140

Gln Lys Thr Glu Ala Glu Arg Ile Leu Arg Lys Ala Thr Asp Glu Gly
 145 150 155 160

30 Arg Val Arg Gly Val Ile Leu Arg Leu Pro Ala Val Tyr Gly Gln Ser
 165 170 175

Gly Pro Ser Gly Pro Met Gly Arg Gly Val Val Ala Ala Met Ile Arg
 35 180 185 190

Arg Ala Leu Ala Gly Glu Pro Leu Thr Met Trp His Asp Gly Gly Val
 195 200 205

40 Arg Arg Asp Leu Leu His Val Glu Asp Val Ala Thr Ala Phe Ala Ala
 210 215 220

Ala Leu Glu His His Asp Ala Leu Ala Gly Gly Thr Trp Ala Leu Gly
 225 230 235 240

45

28

Ala Asp Arg Ser Glu Pro Leu Gly Asp Ile Phe Arg Ala Val Ser Gly
 245 250 255

Ser Val Ala Arg Gln Thr Gly Ser Pro Ala Val Asp Val Val Thr Val
 5 260 265 270

Pro Ala Pro Glu His Ala Glu Ala Asn Asp Phe Arg Ser Asp Asp Ile
 275 280 285

10 Asp Ser Thr Glu Phe Arg Ser Arg Thr Gly Trp Arg Pro Arg Val Ser
 290 295 300

Leu Thr Asp Gly Ile Asp Arg Thr Val Ala Ala Leu Thr Pro Thr Glu
 305 310 315 320

15
 Glu His

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8:

20

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 415 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

25

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

Met Arg Val Leu Leu Thr Ser Phe Ala His Arg Thr His Phe Gln Gly
 30 1 5 10 15

Leu Val Pro Leu Ala Trp Ala Leu Arg Thr Ala Gly His Asp Val Arg
 20 25 30

35 Val Ala Ala Gln Pro Ala Leu Thr Asp Ala Val Ile Gly Ala Gly Leu
 35 40 45

Thr Ala Val Pro Val Gly Ser Asp His Arg Leu Phe Asp Ile Val Pro
 50 55 60

40
 Glu Val Ala Ala Gln Val His Arg Tyr Ser Phe Tyr Leu Asp Phe Tyr
 65 70 75 80

His Arg Glu Gln Glu Leu His Ser Trp Glu Phe Leu Leu Gly Met Gln
 45 85 90 95

Glu Ala Thr Ser Arg Trp Val Tyr Pro Val Val Asn Asn Asp Ser Phe
 100 105 110

Val Ala Glu Leu Val Asp Phe Ala Arg Asp Trp Arg Pro Asp Leu Val
 5 115 120 125

Leu Trp Glu Pro Phe Thr Phe Ala Gly Ala Val Ala Ala Arg Ala Cys
 130 135 140

10 Gly Ala Ala His Ala Arg Leu Leu Trp Gly Ser Asp Leu Thr Gly Tyr
 145 150 155 160

Phe Arg Gly Arg Phe Gln Ala Gln Arg Leu Arg Arg Pro Pro Glu Asp
 165 170 175

15 Arg Pro Asp Pro Leu Gly Thr Trp Leu Thr Glu Val Ala Gly Arg Phe
 180 185 190

Gly Val Glu Phe Gly Glu Asp Leu Ala Val Gly Gln Trp Ser Val Asp
 20 195 200 205

Gln Leu Pro Pro Ser Phe Arg Leu Asp Thr Gly Met Glu Thr Val Val
 210 215 220

25 Ala Arg Thr Leu Pro Tyr Asn Gly Ala Ser Val Val Pro Asp Trp Leu
 225 230 235 240

Lys Lys Gly Ser Ala Thr Arg Arg Ile Cys Ile Thr Gly Gly Phe Ser
 245 250 255

30 Gly Leu Gly Leu Ala Ala Asp Ala Asp Gln Phe Ala Arg Thr Leu Ala
 260 265 270

Gln Leu Ala Arg Phe Asp Gly Glu Ile Val Val Thr Gly Ser Gly Pro
 35 275 280 285

Asp Thr Ser Ala Val Pro Asp Asn Ile Arg Leu Val Asp Phe Val Pro
 290 295 300

40 Met Gly Val Leu Leu Gln Asn Cys Ala Ala Ile Ile His His Gly Gly
 305 310 315 320

Ala Gly Thr Trp Ala Thr Ala Leu His His Gly Ile Pro Gln Ile Ser
 325 330 335

45

30

Val Ala His Glu Trp Asp Cys Met Leu Arg Gly Gln Gln Thr Ala Glu
 340 345 350

Leu Gly Ala Gly Ile Tyr Leu Arg Pro Asp Glu Val Asp Ala Asp Ser
 5 355 360 365

Leu Ala Ser Ala Leu Thr Gln Val Val Glu Asp Pro Thr Tyr Thr Glu
 370 375 380

10 Asn Ala Val Lys Leu Arg Glu Glu Ala Leu Ser Asp Pro Thr Pro Gln
 385 390 395 400

Glu Ile Val Pro Arg Leu Glu Glu Leu Thr Arg Arg His Ala Gly
 405 410 415

15

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

20

(A) LONGUEUR: 237 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

25

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

Met Tyr Glu Gly Gly Phe Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Phe Tyr Arg Gly
 1 5 10 15

30 Arg Gly Lys Asp Tyr Ala Ala Glu Ala Ala Gln Val Ala Arg Leu Val
 20 25 30

Arg Asp Arg Leu Pro Ser Ala Ser Ser Leu Leu Asp Val Ala Cys Gly
 35 40 45

35

Thr Gly Thr His Leu Arg Arg Phe Ala Asp Leu Phe Asp Asp Val Thr
 50 55 60

Gly Leu Glu Leu Ser Ala Ala Met Ile Glu Val Ala Arg Pro Gln Leu
 40 65 70 75 80

Gly Gly Ile Pro Val Leu Gln Gly Asp Met Arg Asp Phe Ala Leu Asp
 85 90 95

45 Arg Glu Phe Asp Ala Val Thr Cys Met Phe Ser Ser Ile Gly His Met
 100 105 110

31

Arg Asp Gly Ala Glu Leu Asp Gln Ala Leu Ala Ser Phe Ala Arg His
 115 120 125

Leu Ala Pro Gly Gly Val Val Val Val Glu Pro Trp Trp Phe Pro Glu
 5 130 135 140

Asp Phe Leu Asp Gly Tyr Val Ala Gly Asp Val Val Arg Asp Gly Asp
 145 150 155 160

10 Leu Thr Ile Ser Arg Val Ser His Ser Val Arg Ala Gly Gly Ala Thr
 165 170 175

Arg Met Glu Ile His Trp Val Val Ala Asp Ala Val Asn Gly Pro Arg
 180 185 190

15 His His Val Glu His Tyr Glu Ile Thr Leu Phe Glu Arg Gln Gln Tyr
 195 200 205

Glu Lys Ala Phe Thr Ala Ala Gly Cys Ala Val Gln Tyr Leu Glu Gly
 20 210 215 220

Gly Pro Ser Gly Arg Gly Leu Phe Val Gly Val Arg Gly
 225 230 235

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 510 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

35

Met Arg Val Leu Ile Asp Asn Ala Arg Arg Gln Gln Ala Glu Pro Ser
 1 5 10 15

Thr Thr Pro Gln Gly Glu Ser Met Gly Asp Arg Thr Gly Asp Arg Thr
 40 20 25 30

Ile Pro Glu Ser Ser Gln Thr Ala Thr Arg Phe Leu Leu Gly Asp Gly
 35 40 45

45 Gly Ile Pro Thr Ala Thr Ala Glu Thr His Asp Trp Leu Thr Arg Asn
 50 55 60

Gly Ala Glu Gln Arg^{*} Leu Glu Val Ala Arg Val Pro Phe Ser Ala Met
 65 70 75 80

Asp Arg Trp Ser Phe Gln Pro Glu Asp Gly Arg Leu Ala His Glu Ser
 5 85 90 95

Gly Arg Phe Phe Ser Ile Glu Gly Leu His Val Arg Thr Asn Phe Gly
 100 105 110

10 Trp Arg Arg Asp Trp Ile Gln Pro Ile Ile Val Gln Pro Glu Ile Gly
 115 120 125

Phe Leu Gly Leu Ile Val Lys Glu Phe Asp Gly Val Leu His Val Leu
 130 135 140

15 Ala Gln Ala Lys Ala Glu Pro Gly Asn Ile Asn Ala Val Gln Leu Ser
 145 150 155 160

Pro Thr Leu Gln Ala Thr Arg Ser Asn Tyr Thr Gly Val His Arg Gly
 20 165 170 175

Ser Lys Val Arg Phe Ile Glu Tyr Phe Asn Gly Thr Arg Pro Ser Arg
 180 185 190

25 Ile Leu Val Asp Val Leu Gln Ser Glu Gln Gly Ala Trp Phe Leu Arg
 195 200 205

Lys Arg Asn Arg Asn Met Val Val Glu Val Phe Asp Asp Leu Pro Glu
 210 215 220

30 His Pro Asn Phe Arg Trp Leu Thr Val Ala Gln Leu Arg Ala Met Leu
 225 230 235 240

His His Asp Asn Val Val Asn Met Asp Leu Arg Thr Val Leu Ala Cys
 35 245 250 255

Val Pro Thr Ala Val Glu Arg Asp Arg Ala Asp Asp Val Leu Ala Arg
 260 265 270

40 Leu Pro Glu Gly Ser Phe Gln Ala Arg Leu Leu His Ser Phe Ile Gly
 275 280 285

Ala Gly Thr Pro Ala Asn Asn Met Asn Ser Leu Leu Ser Trp Ile Ser
 290 295 300

45

33

Asp Val Arg Ala Arg Arg Glu Phe Val Gln Arg Gly Arg Pro Leu Pro
 305 310 315 320
 Asp Ile Glu Arg Ser Gly Trp Ile Arg Arg Asp Asp Gly Ile Glu His
 5 325 330 335
 Glu Glu Lys Lys Tyr Phe Asp Val Phe Gly Val Thr Val Ala Thr Ser
 340 345 350
 10 Asp Arg Glu Val Asn Ser Trp Met Gln Pro Leu Leu Ser Pro Ala Asn
 355 360 365
 Asn Gly Leu Leu Ala Leu Leu Val Lys Asp Ile Gly Gly Thr Leu His
 370 375 380
 15 Ala Leu Val Gln Leu Arg Thr Glu Ala Gly Gly Met Asp Val Ala Glu
 385 390 395 400
 Leu Ala Pro Thr Val His Cys Gln Pro Asp Asn Tyr Ala Asp Ala Pro
 20 405 410 415
 Glu Glu Phe Arg Pro Ala Tyr Val Asp Tyr Val Leu Asn Val Pro Arg
 420 425 430
 25 Ser Gln Val Arg Tyr Asp Ala Trp His Ser Glu Glu Gly Gly Arg Phe
 435 440 445
 Tyr Arg Asn Glu Asn Arg Tyr Met Leu Ile Glu Val Pro Ala Asp Phe
 450 455 460
 30 Asp Ala Ser Ala Ala Pro Asp His Arg Trp Met Thr Phe Asp Gln Ile
 465 470 475 480
 Thr Tyr Leu Leu Gly His Ser His Tyr Val Asn Ile Gln Leu Arg Ser
 35 485 490 495
 Ile Ile Ala Cys Ala Ser Ala Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gly
 500 505 510

40

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- 45 (A) LONGUEUR: 489 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

Met Asn Thr Thr Arg Thr Ala Thr Ala Gln Glu Ala Gly Val Ala Asp
 5 1 5 10 15

Ala Ala Arg Pro Asp Val Asp Arg Arg Ala Val Val Arg Ala Leu Ser
 20 25 30

10 Ser Glu Val Ser Arg Val Thr Gly Ala Gly Asp Gly Asp Ala Asp Val
 35 40 45

Gln Ala Ala Arg Leu Ala Asp Leu Ala Ala His Tyr Gly Ala His Pro
 50 55 60

15 Phe Thr Pro Leu Glu Gln Thr Arg Ala Arg Leu Gly Leu Asp Arg Ala
 65 70 75 80

Glu Phe Ala His Leu Leu Asp Leu Phe Gly Arg Ile Pro Asp Leu Gly
 20 85 90 95

Thr Ala Val Glu His Gly Pro Ala Gly Lys Tyr Trp Ser Asn Thr Ile
 100 105 110

25 Lys Pro Leu Asp Ala Ala Gly Ala Leu Asp Ala Ala Val Tyr Arg Lys
 115 120 125

Pro Ala Phe Pro Tyr Ser Val Gly Leu Tyr Pro Gly Pro Thr Cys Met
 130 135 140

30 Phe Arg Cys His Phe Cys Val Arg Val Thr Gly Ala Arg Tyr Glu Ala
 145 150 155 160

Ala Ser Val Pro Ala Gly Asn Glu Thr Leu Ala Ala Ile Ile Asp Glu
 35 165 170 175

Val Pro Thr Asp Asn Pro Lys Ala Met Tyr Met Ser Gly Gly Leu Glu
 180 185 190

40 Pro Leu Thr Asn Pro Gly Leu Gly Glu Leu Val Ser His Ala Ala Gly
 195 200 205

Arg Gly Phe Asp Leu Thr Val Tyr Thr Asn Ala Phe Ala Leu Thr Glu
 210 215 220

45

35

	Gln	Thr	Leu	Asn	Arg	Gln	Pro	Gly	Leu	Trp	Glu	Leu	Gly	Ala	Ile	Arg
	225					230					235					240

5	Thr	Ser	Leu	Tyr	Gly	Leu	Asn	Asn	Asp	Glu	Tyr	Glu	Thr	Thr	Thr	Gly
					245					250						255

	Lys	Arg	Gly	Ala	Phe	Glu	Arg	Val	Lys	Lys	Asn	Leu	Gln	Gly	Phe	Leu
					260				265						270	

10	Arg	Met	Arg	Ala	Glu	Arg	Asp	Ala	Pro	Ile	Arg	Leu	Gly	Phe	Asn	His
			275					280						285		

	Ile	Ile	Leu	Pro	Gly	Arg	Ala	Asp	Arg	Leu	Thr	Asp	Leu	Val	Asp	Phe
15		290					295					300				

	Ile	Ala	Glu	Leu	Asn	Glu	Ser	Ser	Pro	Gln	Arg	Pro	Leu	Asp	Phe	Val
	305					310					315					320

20	Thr	Val	Arg	Glu	Asp	Tyr	Ser	Gly	Arg	Asp	Asp	Gly	Arg	Leu	Ser	Asp
					325					330						335

	Ser	Glu	Arg	Asn	Glu	Leu	Arg	Glu	Gly	Leu	Val	Arg	Phe	Val	Asp	Tyr
				340					345					350		

25	Ala	Ala	Glu	Arg	Thr	Pro	Gly	Met	His	Ile	Asp	Leu	Gly	Tyr	Ala	Leu
			355					360						365		

	Glu	Ser	Leu	Arg	Arg	Gly	Val	Asp	Ala	Glu	Leu	Leu	Arg	Ile	Arg	Pro
30		370					375						380			

	Glu	Thr	Met	Arg	Pro	Thr	Ala	His	Pro	Gln	Val	Ala	Val	Gln	Ile	Asp
	385					390					395					400

35	Leu	Leu	Gly	Asp	Val	Tyr	Leu	Tyr	Arg	Glu	Ala	Gly	Phe	Pro	Glu	Leu
					405					410					415	

	Glu	Gly	Ala	Thr	Arg	Tyr	Ile	Ala	Gly	Arg	Val	Thr	Pro	Ser	Thr	Ser
				420					425						430	

40	Leu	Arg	Glu	Val	Val	Glu	Asn	Phe	Val	Leu	Glu	Asn	Glu	Gly	Val	Gln
			435					440						445		

	Pro	Arg	Pro	Gly	Asp	Glu	Tyr	Phe	Leu	Asp	Gly	Phe	Asp	Gln	Ser	Val
45		450						455						460		

36

Thr Ala Arg Leu Asn Gln Leu Glu Arg Asp Ile Ala Asp Gly Trp Glu
 465 470 475 480

Asp His Arg Gly Phe Leu Arg Gly Arg
 5 485

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12:

10 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 193 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

15 (ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

Met Ala Gly Gly Phe Glu Phe Thr Pro Asp Pro Lys Gln Asp Arg Arg
 1 5 10 15

20 Gly Leu Phe Val Ser Pro Leu Gln Asp Glu Ala Phe Val Gly Ala Val
 20 25 30

Gly His Arg Phe Pro Val Ala Gln Met Asn His Ile Val Ser Ala Arg
 25 35 40 45

Gly Val Leu Arg Gly Leu His Phe Thr Thr Thr Pro Pro Gly Gln Cys
 50 55 60

30 Lys Tyr Val Tyr Cys Ala Arg Gly Arg Ala Leu Asp Val Ile Val Asp
 65 70 75 80

Ile Arg Val Gly Ser Pro Thr Phe Gly Lys Trp Asp Ala Val Glu Met
 85 90 95

35 Asp Thr Glu His Phe Arg Ala Val Tyr Phe Pro Arg Gly Thr Ala His
 100 105 110

Ala Phe Leu Ala Leu Glu Asp Asp Thr Leu Met Ser Tyr Leu Val Ser
 40 115 120 125

Thr Pro Tyr Val Ala Glu Tyr Glu Gln Ala Ile Asp Pro Phe Asp Pro
 130 135 140

45 Ala Leu Gly Leu Pro Trp Pro Ala Asp Leu Glu Val Val Leu Ser Asp
 145 150 155 160

37

Arg Asp Thr Val Ala Val Asp Leu Glu Thr Ala Arg Arg Arg Gly Met
165 170 175

Leu Pro Asp Tyr Ala Asp Cys Leu Gly Glu Glu Pro Ala Ser Thr Gly
5 180 185 190

Arg

10 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 1206 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

15 (C) NOMBRE DE BRINS: double

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

20 (vi) ORIGINE:

(A) ORGANISME: Saccharopolyspora erythraea

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

25 (B) EMBLEMENT: 1..1203

(D) AUTRES INFORMATIONS: /function= "implique dans la
biosynthèse de la desosamine"

/gene= "eryCIV"

/note= "SEQ ID NO 6 DE 4837 A 6039"

30

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: mat_peptide

(B) EMBLEMENT: 1

35

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

ATG AAA CGC GCG CTG ACC GAC CTG GCG ATC TTC GGC GGC CCC GAG GCA 48

Met Lys Arg Ala Leu Thr Asp Leu Ala Ile Phe Gly Gly Pro Glu Ala

40 1 5 10 15

TTC CTG CAC ACC CTC TAC GTG GGC AGG CCG ACC GTC GGC GAC CGG GAG 96

Phe Leu His Thr Leu Tyr Val Gly Arg Pro Thr Val Gly Asp Arg Glu

20 25 30

45

38

	CGG	TTC	TTC	GCC	CGC	CTG	GAG	TGG	GCG	CTG	AAC	AAC	AAC	TGG	CTG	ACC	144
	Arg	Phe	Phe	Ala	Arg	Leu	Glu	Trp	Ala	Leu	Asn	Asn	Asn	Trp	Leu	Thr	
			35					40						45			
5	AAC	GGC	GGA	CCA	CTG	GTG	CGC	GAG	TTC	GAG	GGC	CGG	GTC	GCC	GAC	CTG	192
	Asn	Gly	Gly	Pro	Leu	Val	Arg	Glu	Phe	Glu	Gly	Arg	Val	Ala	Asp	Leu	
			50				55						60				
	GCG	GGT	GTC	CGC	CAC	TGC	GTG	GCC	ACC	TGC	AAC	GCG	ACG	GTC	GCG	CTG	240
10	Ala	Gly	Val	Arg	His	Cys	Val	Ala	Thr	Cys	Asn	Ala	Thr	Val	Ala	Leu	
			65				70					75				80	
	CAA	CTG	GTG	CTG	CGC	GCG	AGC	GAC	GTG	TCC	GGC	GAG	GTC	GTC	ATG	CCT	288
	Gln	Leu	Val	Leu	Arg	Ala	Ser	Asp	Val	Ser	Gly	Glu	Val	Val	Met	Pro	
15					85					90					95		
	TCG	ATG	ACG	TTC	GCG	GCC	ACC	GCG	CAC	GCG	GCG	AGC	TGG	CTG	GGG	CTG	336
	Ser	Met	Thr	Phe	Ala	Ala	Thr	Ala	His	Ala	Ala	Ser	Trp	Leu	Gly	Leu	
				100					105					110			
20	GAA	CCG	GTG	TTC	TGC	GAC	GTG	GAC	CCC	GAG	ACC	GGC	CTG	CTC	GAC	CCC	384
	Glu	Pro	Val	Phe	Cys	Asp	Val	Asp	Pro	Glu	Thr	Gly	Leu	Leu	Asp	Pro	
			115					120					125				
25	GAG	CAC	GTC	GCG	TCG	CTG	GTG	ACA	CCG	CGG	ACG	GGC	GCG	ATC	ATC	GGC	432
	Glu	His	Val	Ala	Ser	Leu	Val	Thr	Pro	Arg	Thr	Gly	Ala	Ile	Ile	Gly	
			130				135						140				
	GTG	CAC	CTG	TGG	GGC	AGG	CCC	GCT	CCG	GTC	GAG	GCG	CTG	GAG	AAG	ATC	480
30	Val	His	Leu	Trp	Gly	Arg	Pro	Ala	Pro	Val	Glu	Ala	Leu	Glu	Lys	Ile	
			145			150					155				160		
	GCC	GCC	GAG	CAC	CAG	GTC	AAA	CTC	TTC	TTC	GAC	GCC	GCG	CAC	GCG	CTG	528
	Ala	Ala	Glu	His	Gln	Val	Lys	Leu	Phe	Phe	Asp	Ala	Ala	His	Ala	Leu	
35					165					170					175		
	GGC	TGC	ACC	GCC	GGC	GGG	CGG	CCG	GTC	GGC	GCC	TTC	GGC	AAC	GCC	GAG	576
	Gly	Cys	Thr	Ala	Gly	Gly	Arg	Pro	Val	Gly	Ala	Phe	Gly	Asn	Ala	Glu	
				180					185					190			
40	GTG	TTC	AGC	TTC	CAC	GCC	ACG	AAG	GCG	GTC	ACC	TCG	TTC	GAG	GGC	GGC	624
	Val	Phe	Ser	Phe	His	Ala	Thr	Lys	Ala	Val	Thr	Ser	Phe	Glu	Gly	Gly	
				195				200						205			

	GCC ATC GTC ACC GAC GAC GGG CTG CTG GCC GAC CGC ATC CGC GCC ATG	672
	Ala Ile Val Thr Asp Asp Gly Leu Leu Ala Asp Arg Ile Arg Ala Met	
	210 215 220	
5	CAC AAC TTC GGG ATC GCA CCG GAC AAG CTG GTG ACC GAT GTC GGC ACC	720
	His Asn Phe Gly Ile Ala Pro Asp Lys Leu Val Thr Asp Val Gly Thr	
	225 230 235 240	
	AAC GGC AAG ATG AGC GAG TGC GCC GCG GCG ATG GGC CTC ACC TCG CTC	768
10	Asn Gly Lys Met Ser Glu Cys Ala Ala Ala Met Gly Leu Thr Ser Leu	
	245 250 255	
	GAC GCC TTC GCC GAG ACC AGG GTG CAC AAC CGC CTC AAC CAC GCG CTC	816
	Asp Ala Phe Ala Glu Thr Arg Val His Asn Arg Leu Asn His Ala Leu	
15	260 265 270	
	TAC TCC GAC GAG CTC CGC GAC GTG CGC GGC ATA TCC GTG CAC GCG TTC	864
	Tyr Ser Asp Glu Leu Arg Asp Val Arg Gly Ile Ser Val His Ala Phe	
	275 280 285	
20	GAT CCT GGC GAG CAG AAC AAC TAC CAG TAC GTG ATC ATC TCG GTG GAC	912
	Asp Pro Gly Glu Gln Asn Asn Tyr Gln Tyr Val Ile Ile Ser Val Asp	
	290 295 300	
25	TCC GCG GCC ACC GGC ATC GAC CGC GAC CAG TTG CAG GCG ATC CTG CGA	960
	Ser Ala Ala Thr Gly Ile Asp Arg Asp Gln Leu Gln Ala Ile Leu Arg	
	305 310 315 320	
	GCG GAG AAG GTT GTG GCA CAA CCC TAC TTC TCC CCC GGG TGC CAC CAG	1008
30	Ala Glu Lys Val Val Ala Gln Pro Tyr Phe Ser Pro Gly Cys His Gln	
	325 330 335	
	ATG CAG CCG TAC CGG ACC GAG CCG CCG CTG CGG CTG GAG AAC ACC GAA	1056
	Met Gln Pro Tyr Arg Thr Glu Pro Pro Leu Arg Leu Glu Asn Thr Glu	
35	340 345 350	
	CAG CTC TCC GAC CGG GTG CTC GCG CTG CCC ACC GGC CCC GCG GTG TCC	1104
	Gln Leu Ser Asp Arg Val Leu Ala Leu Pro Thr Gly Pro Ala Val Ser	
	355 360 365	
40	AGC GAG GAC ATC CGG CCG GTG TGC GAC ATC ATC CGG CTC GCC GCC ACC	1152
	Ser Glu Asp Ile Arg Arg Val Cys Asp Ile Ile Arg Leu Ala Ala Thr	
	370 375 380	

40

AGC GGC GAG CTG ATC AAC GCG CAA TGG GAC CAG AGG ACG CGC AAC GGT 1200
 Ser Gly Glu Leu Ile Asn Ala Gln Trp Asp Gln Arg Thr Arg Asn Gly
 385 390 395 400

5 TCG TGA 1206
 Ser

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14:

10 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 401 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

15 (ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 14:

Met Lys Arg Ala Leu Thr Asp Leu Ala Ile Phe Gly Gly Pro Glu Ala
 1 5 10 15

20 Phe Leu His Thr Leu Tyr Val Gly Arg Pro Thr Val Gly Asp Arg Glu
 20 25 30

Arg Phe Phe Ala Arg Leu Glu Trp Ala Leu Asn Asn Asn Trp Leu Thr
 25 35 40 45

Asn Gly Gly Pro Leu Val Arg Glu Phe Glu Gly Arg Val Ala Asp Leu
 50 55 60

30 Ala Gly Val Arg His Cys Val Ala Thr Cys Asn Ala Thr Val Ala Leu
 65 70 75 80

Gln Leu Val Leu Arg Ala Ser Asp Val Ser Gly Glu Val Val Met Pro
 85 90 95

35 Ser Met Thr Phe Ala Ala Thr Ala His Ala Ala Ser Trp Leu Gly Leu
 100 105 110

Glu Pro Val Phe Cys Asp Val Asp Pro Glu Thr Gly Leu Leu Asp Pro
 40 115 120 125

Glu His Val Ala Ser Leu Val Thr Pro Arg Thr Gly Ala Ile Ile Gly
 130 135 140

45 Val His Leu Trp Gly Arg Pro Ala Pro Val Glu Ala Leu Glu Lys Ile
 145 150 155 160

41

Ala Ala Glu His Gln Val Lys Leu Phe Phe Asp Ala Ala His Ala Leu
165 170 175

Gly Cys Thr Ala Gly Gly Arg Pro Val Gly Ala Phe Gly Asn Ala Glu
5 180 185 190

Val Phe Ser Phe His Ala Thr Lys Ala Val Thr Ser Phe Glu Gly Gly
195 200 205

10 Ala Ile Val Thr Asp Asp Gly Leu Leu Ala Asp Arg Ile Arg Ala Met
210 215 220

His Asn Phe Gly Ile Ala Pro Asp Lys Leu Val Thr Asp Val Gly Thr
225 230 235 240

15 Asn Gly Lys Met Ser Glu Cys Ala Ala Ala Met Gly Leu Thr Ser Leu
245 250 255

Asp Ala Phe Ala Glu Thr Arg Val His Asn Arg Leu Asn His Ala Leu
20 260 265 270

Tyr Ser Asp Glu Leu Arg Asp Val Arg Gly Ile Ser Val His Ala Phe
275 280 285

25 Asp Pro Gly Glu Gln Asn Asn Tyr Gln Tyr Val Ile Ile Ser Val Asp
290 295 300

Ser Ala Ala Thr Gly Ile Asp Arg Asp Gln Leu Gln Ala Ile Leu Arg
305 310 315 320

30 Ala Glu Lys Val Val Ala Gln Pro Tyr Phe Ser Pro Gly Cys His Gln
325 330 335

Met Gln Pro Tyr Arg Thr Glu Pro Pro Leu Arg Leu Glu Asn Thr Glu
35 340 345 350

Gln Leu Ser Asp Arg Val Leu Ala Leu Pro Thr Gly Pro Ala Val Ser
355 360 365

40 Ser Glu Asp Ile Arg Arg Val Cys Asp Ile Ile Arg Leu Ala Ala Thr
370 375 380

Ser Gly Glu Leu Ile Asn Ala Gln Trp Asp Gln Arg Thr Arg Asn Gly
385 390 395 400

45 Ser

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- 5 (A) LONGUEUR: 6093 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: double
(D) CONFIGURATION: linéaire
- 10 (ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)
- (vi) ORIGINE:
(A) ORGANISME: Streptomyces antibioticus
- 15 (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:184..1386
(D) AUTRES INFORMATIONS:/gene= "oleP1"
- 20 (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:1437..2714
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "glycosylation de
8,8a-desoxyoleandolide"
/gene= "oleG1"
/transl_except= (pos: 1437 .. 1439, aa: Met)
- 25 (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
30 (B) EMBLACEMENT:2722..3999
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "glycosylation de
8,8a-desoxyoleandolide"
/gene= "oleG2"
- 35 (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CDS
(B) EMBLACEMENT:4810..5967
(D) AUTRES INFORMATIONS:/gene= "oleY"
- 40 (ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: mat_peptide
(B) EMBLACEMENT:184
- 45 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:

	GCATGCCCCG	CTTTCCTCCC	CCTCTCCGAA	CGCATCGACG	ACCCGATCCC	CCTCAGGGAC	60
	CGGTGAAGGA	GCGTGTGCA	CTCATGCAGG	ACATGCAAGG	CGTACAGCCC	GAACCAAGCCA	120
5	GTGTGGAACA	CGCGGCGGAC	GCAGCTCGAA	CAGAGCGAAC	GGCGCACGGA	AGCCGCCCGAG	180
	GAG ATG GAG GAC AGC GAA CTG GGG CGC CGC CTG CAG ATG CTC CGC GGC						228
	Met Glu Asp Ser Glu Leu Gly Arg Arg Leu Gln Met Leu Arg Gly						
	1	5		10		15	
10	ATG CAG TGG GTC TTC GGC GCC AAC GGC GAT CCG TAC GCC CGG CTG CTG						276
	Met Gln Trp Val Phe Gly Ala Asn Gly Asp Pro Tyr Ala Arg Leu Leu						
		20		25		30	
15	TGT GGC ATG GAG GAT GAC CCG TCA CCT TTC TAC GAC GCG ATA CGG ACC						324
	Cys Gly Met Glu Asp Asp Pro Ser Pro Phe Tyr Asp Ala Ile Arg Thr						
		35		40		45	
	CTG GGC GAG CTG CAC CGG AGC AGG ACC GGA GCC TGG GTC ACC GCC GAC						372
20	Leu Gly Glu Leu His Arg Ser Arg Thr Gly Ala Trp Val Thr Ala Asp						
		50		55		60	
	CCC GGG CTC GGG GGC CGC ATC CTC GCC GAC CGG AAG GCT CGG TGC CCG						420
	Pro Gly Leu Gly Gly Arg Ile Leu Ala Asp Arg Lys Ala Arg Cys Pro						
25		65		70		75	
	GAA GGC TCG TGG CCG GTG CGG GCG AAG ACC GAC GGG CTG GAG CAG TAC						468
	Glu Gly Ser Trp Pro Val Arg Ala Lys Thr Asp Gly Leu Glu Gln Tyr						
		80		85		90	
30	GTG CTG CCC GGG CAC CAG GCG TTC CTG CGG CTG GAG CGC GAG GAG GCC						516
	Val Leu Pro Gly His Gln Ala Phe Leu Arg Leu Glu Arg Glu Glu Ala						
		100		105		110	
35	GAG CGA CTG CGG GAG GTC GCG GCG CCG GTG CTG GGG GCC GCG GCG GTC						564
	Glu Arg Leu Arg Glu Val Ala Ala Pro Val Leu Gly Ala Ala Ala Val						
		115		120		125	
	GAC GCG TGG CGC CCG CTG ATC GAC GAG GTC TGC GCG GGG CTC GCG AAG						612
40	Asp Ala Trp Arg Pro Leu Ile Asp Glu Val Cys Ala Gly Leu Ala Lys						
		130		135		140	
	GGG CTG CCG GAC ACG TTC GAC CTG GTC GAG GAG TAC GCG GGG CTG GTG						660
	Gly Leu Pro Asp Thr Phe Asp Leu Val Glu Glu Tyr Ala Gly Leu Val						
45		145		150		155	

44

	CCG GTC GAG GTG CTG GCG CGG ATC TGG GGC GTC CCG GAG GAG GAC CGC	708
	Pro Val Glu Val Leu Ala Arg Ile Trp Gly Val Pro Glu Glu Asp Arg	
	160 165 170 175	
5	GCC CGG TTC GGG CGT GAC TGC CGG GCG CTC GCT CCC GCG CTG GAC AGC	756
	Ala Arg Phe Gly Arg Asp Cys Arg Ala Leu Ala Pro Ala Leu Asp Ser	
	180 185 190	
	CTC CTG TGT CCC CAG CAG TTG GCG CTG AGC AAG GAC ATG GCG TCC GCC	804
10	Leu Leu Cys Pro Gln Gln Leu Ala Leu Ser Lys Asp Met Ala Ser Ala	
	195 200 205	
	CTG GAG GAC CTG CGT CTC CTC TTC GAC GGC CTC GAC GCG ACG CCG CGC	852
15	Leu Glu Asp Leu Arg Leu Leu Phe Asp Gly Leu Asp Ala Thr Pro Arg	
	210 215 220	
	CTC GCC GGC CCC GCC GAC GGT GAC GGA ACG GCC GTG GCC ATG CTC ACC	900
	Leu Ala Gly Pro Ala Asp Gly Asp Gly Thr Ala Val Ala Met Leu Thr	
	225 230 235	
20	GTT CTG CTC TGC ACG GAG CCG GTG ACC ACG GCG ATC GGG AAC ACC GTG	948
	Val Leu Leu Cys Thr Glu Pro Val Thr Thr Ala Ile Gly Asn Thr Val	
	240 245 250 255	
25	CTC GGG CTC CTT CCC GGG CAG TGG CCC GTG CCC TGC ACC GGC CGG GTG	996
	Leu Gly Leu Leu Pro Gly Gln Trp Pro Val Pro Cys Thr Gly Arg Val	
	260 265 270	
	GCT GCC GGG CAG GTT GCC GGG CAG GCG CTG CAC CGG GCG GTG TCG TAC	1044
30	Ala Ala Gly Gln Val Ala Gly Gln Ala Leu His Arg Ala Val Ser Tyr	
	275 280 285	
	CGT ATC GCG ACG CGG TTC GCC CGG GAG GAC CTG GAG TTG GCG GGC TGC	1092
35	Arg Ile Ala Thr Arg Phe Ala Arg Glu Asp Leu Glu Leu Ala Gly Cys	
	290 295 300	
	GAG GTC AAG TCC GGT GAC GAG GTG GTG GTC CTG GCC GGA GCG ATC GGC	1140
	Glu Val Lys Ser Gly Asp Glu Val Val Val Leu Ala Gly Ala Ile Gly	
	305 310 315	
40	CGG AAC GGA CCG TCC GCA GCC GCC CCG CCT GCC CCA CCG GGC CCA GCG	1188
	Arg Asn Gly Pro Ser Ala Ala Ala Pro Pro Ala Pro Pro Gly Pro Ala	
	320 325 330 335	

45

45

	GCC	CCG	CCC	GCC	CCG	TCG	GTC	TTC	GGT	GCC	GCC	GCC	TTC	GAG	AAC	GCG	1236
	Ala	Pro	Pro	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Gly	Ala	Ala	Ala	Phe	Glu	Asn	Ala	
					340					345					350		
5	CTG	GCC	GAA	CCC	CTC	GTC	CGG	GCT	GTG	ACG	GGA	GCG	GCC	CTC	CAG	GCC	1284
	Leu	Ala	Glu	Pro	Leu	Val	Arg	Ala	Val	Thr	Gly	Ala	Ala	Leu	Gln	Ala	
				355					360					365			
	CTC	GCG	GAG	GGG	CCC	CCC	CGG	CTG	ACG	GCG	GCG	GGA	CCC	GTC	GTA	CGA	1332
10	Leu	Ala	Glu	Gly	Pro	Pro	Arg	Leu	Thr	Ala	Ala	Gly	Pro	Val	Val	Arg	
			370					375					380				
	CGG	CGG	CGT	TCC	CCT	GTC	GTC	GGC	GGG	CTG	CAC	CGG	GCT	CCG	GTG	GCC	1380
	Arg	Arg	Arg	Ser	Pro	Val	Val	Gly	Gly	Leu	His	Arg	Ala	Pro	Val	Ala	
15		385					390					395					
	GCC	GCA	TCG	CAT	CGC	GTG	CAAC	GGC	GCG	CGT	CGG	CCCC	CCG	CGC	CCCC	TGCGC	1436
	Ala	Ala															
	400																
20	GTG	ATG	ATG	ACC	ACC	TTC	GCG	GCC	AAC	ACG	CAC	TTC	CAG	CCG	CTG	GTT	1484
	Met	Met	Met	Thr	Thr	Phe	Ala	Ala	Asn	Thr	His	Phe	Gln	Pro	Leu	Val	
	1				5				10				15				
25	CCC	CTG	GCC	TGG	GCA	CTG	CGG	ACA	GCC	GGG	CAC	GAG	GTG	CGC	GTG	GTG	1532
	Pro	Leu	Ala	Trp	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Gly	His	Glu	Val	Arg	Val	Val	
				20				25					30				
	AGC	CAG	CCC	TCG	CTG	AGC	GAC	GTG	GTG	ACG	CAG	GCG	GGG	CTC	ACC	TCG	1580
30	Ser	Gln	Pro	Ser	Leu	Ser	Asp	Val	Val	Thr	Gln	Ala	Gly	Leu	Thr	Ser	
			35					40					45				
	GTC	CCG	GTG	GGC	ACC	GAG	GCT	CCG	GTC	GAG	CAG	TTC	GCG	GCG	ACC	TGG	1628
	Val	Pro	Val	Gly	Thr	Glu	Ala	Pro	Val	Glu	Gln	Phe	Ala	Ala	Thr	Trp	
35		50					55					60					
	GGC	GAC	GAT	GCC	TAC	ATC	GGC	GTC	AAC	AGC	ATC	GAC	TTC	ACC	GGC	AAC	1676
	Gly	Asp	Asp	Ala	Tyr	Ile	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Asp	Phe	Thr	Gly	Asn	
	65					70					75				80		
40	GAC	CCC	GGC	CTG	TGG	ACG	TGG	CCG	TAC	CTC	CTG	GGC	ATG	GAG	ACC	ATG	1724
	Asp	Pro	Gly	Leu	Trp	Thr	Trp	Pro	Tyr	Leu	Leu	Gly	Met	Glu	Thr	Met	
					85					90					95		

45

46

	CTG	GTG	CCG	GCC	TTC	TAC	GAG	TTG	CTG	AAC	AAC	GAG	TCC	TTC	GTG	GAC	1772
	Leu	Val	Pro	Ala	Phe	Tyr	Glu	Leu	Leu	Asn	Asn	Glu	Ser	Phe	Val	Asp	
				100					105						110		
5	GGC	GTA	GTC	GAG	TTC	GCC	CGT	GAC	TGG	CGG	CCC	GAC	CTG	GTG	ATC	TGG	1820
	Gly	Val	Val	Glu	Phe	Ala	Arg	Asp	Trp	Arg	Pro	Asp	Leu	Val	Ile	Trp	
				115				120					125				
	GAG	CCG	CTG	ACG	TTC	GCC	GGC	GCG	GTG	GCG	GCG	GCG	GTC	ACC	GGC	GCG	1868
10	Glu	Pro	Leu	Thr	Phe	Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Ala	Arg	Val	Thr	Gly	Ala	
				130				135					140				
	GCC	CAC	GCC	CGG	CTG	CCG	TGG	GGG	CAG	GAG	ATC	ACC	CTG	GCG	GGG	CGG	1916
	Ala	His	Ala	Arg	Leu	Pro	Trp	Gly	Gln	Glu	Ile	Thr	Leu	Arg	Gly	Arg	
15	145						150					155				160	
	CAG	GCG	TTC	CTC	GCC	GAG	CGT	GCC	CTG	CAA	CCG	TTC	GAG	CAC	CGG	GAG	1964
	Gln	Ala	Phe	Leu	Ala	Glu	Arg	Ala	Leu	Gln	Pro	Phe	Glu	His	Arg	Glu	
					165					170					175		
20	GAT	CCC	ACG	GCC	GAG	TGG	CTG	GGC	GCG	ATG	CTC	GAC	CGG	TAC	GGC	TGC	2012
	Asp	Pro	Thr	Ala	Glu	Trp	Leu	Gly	Arg	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Gly	Cys	
				180					185					190			
25	TCG	TTC	GAC	GAG	GAG	ATG	GTC	ACC	GGG	CAG	TGG	ACC	ATC	GAC	ACG	CTG	2060
	Ser	Phe	Asp	Glu	Glu	Met	Val	Thr	Gly	Gln	Trp	Thr	Ile	Asp	Thr	Leu	
				195				200						205			
	CCG	GCG	AGC	ATG	CGG	CTG	GAG	CTG	TCC	GAG	GAG	CTG	GCG	ACC	CTG	GAC	2108
30	Pro	Arg	Ser	Met	Arg	Leu	Glu	Leu	Ser	Glu	Glu	Leu	Arg	Thr	Leu	Asp	
				210				215						220			
	ATG	CGG	TAC	GTG	CCG	TAC	AAC	GGA	CCG	GCG	GTC	GTA	CCC	CCC	TGG	GTG	2156
	Met	Arg	Tyr	Val	Pro	Tyr	Asn	Gly	Pro	Ala	Val	Val	Pro	Pro	Trp	Val	
35	225					230					235					240	
	TGG	GAA	CCG	TGC	GAG	CGG	CCC	CGG	GTC	TGT	CTG	ACG	ATC	GGC	ACC	TCC	2204
	Trp	Glu	Pro	Cys	Glu	Arg	Pro	Arg	Val	Cys	Leu	Thr	Ile	Gly	Thr	Ser	
				245						250					255		
40	CAG	CGT	GAC	TCC	GGC	CGG	GAC	CAT	GTC	CCC	CTC	GAC	CAC	CTG	CTC	GAC	2252
	Gln	Arg	Asp	Ser	Gly	Arg	Asp	His	Val	Pro	Leu	Asp	His	Leu	Leu	Asp	
				260					265					270			

47

	TCC CTC GCC GAC GTG GAC GCG GAG ATC GTG GCC ACG CTC GAC ACC ACC	2300
	Ser Leu Ala Asp Val Asp Ala Glu Ile Val Ala Thr Leu Asp Thr Thr	
	275 280 285	
5	CAG CAG GAG CGC CTG CGG GGC GCG GCC CCC GGC AAC GTC CGG CTG GTG	2348
	Gln Gln Glu Arg Leu Arg Gly Ala Ala Pro Gly Asn Val Arg Leu Val	
	290 295 300	
	GAC TTC GTC CCG CTG CAC GCG CTG ATG CCG ACC TGC TCG GCG ATC GTG	2396
10	Asp Phe Val Pro Leu His Ala Leu Met Pro Thr Cys Ser Ala Ile Val	
	305 310 315 320	
	CAC CAC GGT GGT CCG GGC ACG TGG TCG ACG GCG GCG CTC CAC GGC GTC	2444
	His His Gly Gly Pro Gly Thr Trp Ser Thr Ala Ala Leu His Gly Val	
15	325 330 335	
	CCG CAG ATC ATC CTG GAC ACC TCG TGG GAC ACA CCG GTG CGG GCG CAG	2492
	Pro Gln Ile Ile Leu Asp Thr Ser Trp Asp Thr Pro Val Arg Ala Gln	
	340 345 350	
20	CGC ATG CAG CAA CTC GGG GCG GGC CTG TCG ATG CCG GTG GGG GAA CTG	2540
	Arg Met Gln Gln Leu Gly Ala Gly Leu Ser Met Pro Val Gly Glu Leu	
	355 360 365	
25	GGC GTC GAG GCG CTG CGG GAC CGG GTC CTG CGG CTG CTG GGG GAG CCG	2588
	Gly Val Glu Ala Leu Arg Asp Arg Val Leu Arg Leu Leu Gly Glu Pro	
	370 375 380	
	GAG TTC CGC GCG GGC GCC GAG CGG ATC CGG GCC GAG ATG CTC GCG ATG	2636
30	Glu Phe Arg Ala Gly Ala Glu Arg Ile Arg Ala Glu Met Leu Ala Met	
	385 390 395 400	
	CCC GCC CCC GGT GAC GTC GTA CCG GAC CTG GAA CGA CTC ACC GCG GAG	2684
	Pro Ala Pro Gly Asp Val Val Pro Asp Leu Glu Arg Leu Thr Ala Glu	
35	405 410 415	
	CAT GCC ACC GGC GCG ATG GCG GGA AGG CGG TGAGACG ATG GCG GTA CTG	2733
	His Ala Thr Gly Ala Met Ala Gly Arg Met Arg Val Leu	
	420 425 1	
40	CTG ACC TGC TTC GCC AAC GAC ACC CAC TTC CAC GGG CTG GTG CCG CTG	2781
	Leu Thr Cys Phe Ala Asn Asp Thr His Phe His Gly Leu Val Pro Leu	
	5 10 15 20	

45

48

	GCG	TGG	GCG	CTG	CGG	GCC	GCC	GGG	CAC	GAA	GTC	CGC	GTG	GCC	AGT	CAG	2829
	Ala	Trp	Ala	Leu	Arg	Ala	Ala	Gly	His	Glu	Val	Arg	Val	Ala	Ser	Gln	
					25					30					35		
5	CCC	GCC	CTG	TCC	GAC	ACG	ATC	ACC	CAA	GCG	GGA	CTG	ACC	GCG	GTG	CCC	2877
	Pro	Ala	Leu	Ser	Asp	Thr	Ile	Thr	Gln	Ala	Gly	Leu	Thr	Ala	Val	Pro	
				40					45					50			
	GTG	GGC	CGG	GAC	ACC	GCC	TTC	CTG	GAG	CTG	ATG	GGG	GAG	ATC	GGC	GCG	2925
10	Val	Gly	Arg	Asp	Thr	Ala	Phe	Leu	Glu	Leu	Met	Gly	Glu	Ile	Gly	Ala	
			55					60					65				
	GAC	GTC	CAG	AAG	TAC	TCC	ACC	GGC	ATC	GAC	CTG	GGC	GTC	CGC	GCG	GAG	2973
	Asp	Val	Gln	Lys	Tyr	Ser	Thr	Gly	Ile	Asp	Leu	Gly	Val	Arg	Ala	Glu	
15		70						75					80				
	CTG	ACG	AGC	TGG	GAG	TAC	CTG	CTC	GGC	ATG	CAC	ACG	ACC	CTG	GTG	CCC	3021
	Leu	Thr	Ser	Trp	Glu	Tyr	Leu	Leu	Gly	Met	His	Thr	Thr	Leu	Val	Pro	
	85					90					95				100		
20																	
	ACG	TTC	TAC	TCG	CTG	GTC	AAC	GAC	GAG	CCG	TTC	GTC	GAC	GGG	CTC	GTC	3069
	Thr	Phe	Tyr	Ser	Leu	Val	Asn	Asp	Glu	Pro	Phe	Val	Asp	Gly	Leu	Val	
						105				110				115			
25	GCG	CTG	ACC	CGG	GCC	TGG	CGG	CCC	GAC	CTC	ATC	CTG	TGG	GAG	CAC	TTC	3117
	Ala	Leu	Thr	Arg	Ala	Trp	Arg	Pro	Asp	Leu	Ile	Leu	Trp	Glu	His	Phe	
				120				125					130				
	AGC	TTC	GCC	GGG	GCG	TTG	GCG	GCG	CGG	GCC	ACC	GGC	ACG	CCC	CAC	GCC	3165
30	Ser	Phe	Ala	Gly	Ala	Leu	Ala	Ala	Arg	Ala	Thr	Gly	Thr	Pro	His	Ala	
			135					140					145				
	CGC	GTG	CTG	TGG	GGG	TCG	GAC	CTC	ATC	GTC	CGG	TTC	CGC	CGG	GAC	TTC	3213
	Arg	Val	Leu	Trp	Gly	Ser	Asp	Leu	Ile	Val	Arg	Phe	Arg	Arg	Asp	Phe	
35		150					155					160					
	CTC	GCG	GAG	CGG	GCG	AAC	CGG	CCC	GCC	GAG	CAC	CGC	GAG	GAC	CCC	ATG	3261
	Leu	Ala	Glu	Arg	Ala	Asn	Arg	Pro	Ala	Glu	His	Arg	Glu	Asp	Pro	Met	
	165				170					175				180			
40																	
	GCG	GAG	TGG	CTG	GGC	TGG	GCG	GCC	GAA	CGG	CTG	GGC	TCC	ACC	TTC	GAC	3309
	Ala	Glu	Trp	Leu	Gly	Trp	Ala	Ala	Glu	Arg	Leu	Gly	Ser	Thr	Phe	Asp	
					185				190					195			

	GAG	GAG	CTG	GTG	ACC	GGG	CAG	TGG	ACG	ATC	GAC	CCG	CTG	CCG	CGG	AGC	3357
	Glu	Glu	Leu	Val	Thr	Gly	Gln	Trp	Thr	Ile	Asp	Pro	Leu	Pro	Arg	Ser	
				200					205						210		
5	ATG	CGG	CTG	CCC	ACC	GGG	ACG	ACG	ACG	GTG	CCG	ATG	CGG	TAC	GTG	CCG	3405
	Met	Arg	Leu	Pro	Thr	Gly	Thr	Thr	Thr	Val	Pro	Met	Arg	Tyr	Val	Pro	
				215				220						225			
	TAC	AAC	GGG	CGG	GCC	GTG	GTC	CCC	GCA	TGG	GTC	CGG	CAG	CGT	GCG	CGG	3453
10	Tyr	Asn	Gly	Arg	Ala	Val	Val	Pro	Ala	Trp	Val	Arg	Gln	Arg	Ala	Arg	
				230				235					240				
	CGG	CCC	CGG	ATC	TGC	CTG	ACG	CTC	GGT	GTG	TCG	GCC	CGG	CAG	ACC	CTG	3501
	Arg	Pro	Arg	Ile	Cys	Leu	Thr	Leu	Gly	Val	Ser	Ala	Arg	Gln	Thr	Leu	
15	245					250					255					260	
	GGC	GAC	GGC	GTG	TCG	CTG	GCG	GAG	GTG	CTG	GCC	GCG	CTG	GGC	GAC	GTG	3549
	Gly	Asp	Gly	Val	Ser	Leu	Ala	Glu	Val	Leu	Ala	Ala	Leu	Gly	Asp	Val	
				265						270					275		
20	GAC	GCG	GAG	ATC	GTG	GCC	ACG	CTG	GAC	GCC	TCC	CAG	CGC	AAG	CTC	CTG	3597
	Asp	Ala	Glu	Ile	Val	Ala	Thr	Leu	Asp	Ala	Ser	Gln	Arg	Lys	Leu	Leu	
				280					285					290			
25	GGG	CCG	GTG	CCG	GAC	AAC	GTC	CGG	CTG	GTG	GAC	TTC	GTG	CCC	CTG	CAC	3645
	Gly	Pro	Val	Pro	Asp	Asn	Val	Arg	Leu	Val	Asp	Phe	Val	Pro	Leu	His	
				295				300						305			
	GCC	CTG	ATG	CCG	ACC	TGT	TCG	GCG	ATC	GTG	CAC	CAC	GGC	GGC	GCC	GGT	3693
30	Ala	Leu	Met	Pro	Thr	Cys	Ser	Ala	Ile	Val	His	His	Gly	Gly	Ala	Gly	
				310				315					320				
	ACC	TGG	CTG	ACG	GCC	GCC	GTC	CAC	GGC	GTC	CCG	CAG	ATC	GTC	CTC	GGT	3741
	Thr	Trp	Leu	Thr	Ala	Ala	Val	His	Gly	Val	Pro	Gln	Ile	Val	Leu	Gly	
35	325					330					335					340	
	GAC	CTC	TGG	GAC	AAC	CTG	CTG	GCG	GCC	CGG	CAG	ACA	CAG	GCC	GCG	GGC	3789
	Asp	Leu	Trp	Asp	Asn	Leu	Leu	Arg	Ala	Arg	Gln	Thr	Gln	Ala	Ala	Gly	
				345						350					355		
40	GCG	GGC	CTG	TTC	ATC	CAT	CCG	TCC	GAG	GTC	ACC	GCG	GCC	GGG	CTC	GGT	3837
	Ala	Gly	Leu	Phe	Ile	His	Pro	Ser	Glu	Val	Thr	Ala	Ala	Gly	Leu	Gly	
				360				365						370			

	GAG GGC GTG CGC CGG GTG CTG ACG GAC CCT TCC ATC CGG GCC GCC GCA	3885
	Glu Gly Val Arg Arg Val Leu Thr Asp Pro Ser Ile Arg Ala Ala Ala	
	375 380 385	
5	CAG CGC GTC CGG GAC GAG ATG AAT GCA GAG CCG ACG CCG GGC GAG GTC	3933
	Gln Arg Val Arg Asp Glu Met Asn Ala Glu Pro Thr Pro Gly Glu Val	
	390 395 400	
	GTC ACG GTG CTG GAG CGG CTC GCC GCG AGC GGC GGA CGC GGA CGA GGA	3981
10	Val Thr Val Leu Glu Arg Leu Ala Ala Ser Gly Gly Arg Gly Arg Gly	
	405 410 415 420	
	GGC GGG AAC CAT GCG GGC TGACACGGAG CCGACCACCG GGTACGAGGA	4029
	Gly Gly Asn His Ala Gly	
15	425	
	CGAGTTCGCC GAGATCTACG ACGCCGTGTA CCGGGGCCGG GGCAGGACT ACGCCGGCGA	4089
	GGCGAAGGAC GTGGCGGACC TCGTGCGCGA CCGGGTGCCG GACCGCTCCT CCCTCCTGGA	4149
20	CGTGGCCTGC GGCACGGGCG CGCACCTGCG GCACCTCGCC ACGCTCTTCG ACGACGCCCG	4209
	CGGTCTCGAA CTGTCCGCGA GCATGCTGGA CATCGCCCGC TCCCGCATGC CGGGCGTGCC	4269
25	GCTGCACCAA GGGGACATGC GATCCTTCGA CCTGGGGCCA CGCGTCTCCG CGGTACCTG	4329
	CATGTTTACG TCCGTCGGCC ACCTGGCCAC CACCGCCGAA CTGACGCGA CGCTGCGGTG	4389
	CTTCGCCCGG CACACCCGGC CCGCGGGCGT GGCGGTCATC GAACCGTGGT GGTTCGCCGA	4449
30	GACCTTCACC GACGGCTACG TGGCGGGTGA CATCGTACGC GTCGACGGCC GGACCATCTC	4509
	CCGGGTGTCC CACTCGGTAC GGGACGGCGG CGCCACCCGC ATGGAGATCC ACTACGTGAT	4569
35	CGCCGACGCC GAGCACGGTC CCCGGCACCT GGTCGAGCAC CACCGCATCA CGCTGTTCCC	4629
	GCGGCATGCG TACACGGCCG CGTACGAGAA GGCGGGCTAC ACCGTCGAGT ACCTGACGG	4689
	CGGGCCCTCG GGCGGGGGC TGTTCTGTCG CACCGGACG TGAACCCGCC CGCGCACCGC	4749
40	CCGATCACC TGCTCAACGC CGTTCACAG GATCACCGBA CCACGCGAAG GACCTTTCAC	4809
	ATG TCG TAC GAC GAC CAC GCG GTG CTG GAA GCG ATA CTG CGG TGC GCC	4857
	Met Ser Tyr Asp Asp His Ala Val Leu Glu Ala Ile Leu Arg Cys Ala	
45	1 5 10 15	

51

	GGA GGT GAC GAG CGC TTC CTG CTG AAC ACC GTC GAG GAA TGG GGA GCC	4905
	Gly Gly Asp Glu Arg Phe Leu Leu Asn Thr Val Glu Glu Trp Gly Ala	
	20 25 30	
5	GCC GAG ATC ACC GCG GCG CTC GTG GAC GAG TTG CTG TTC CGC TGC GAG	4953
	Ala Glu Ile Thr Ala Ala Leu Val Asp Glu Leu Leu Phe Arg Cys Glu	
	35 40 45	
	ATC CCG CAG GTG GGC GGT GAG GCG TTC ATC GGC CTG GAC GTC CTG CAC	5001
10	Ile Pro Gln Val Gly Gly Glu Ala Phe Ile Gly Leu Asp Val Leu His	
	50 55 60	
	GGC GCC GAC CGG ATC AGC CAT GTG CTG CAG GTG ACG GAC GGC AAG CCG	5049
	Gly Ala Asp Arg Ile Ser His Val Leu Gln Val Thr Asp Gly Lys Pro	
15	65 70 75 80	
	GTC ACG TCG GCG GAA CCG GCC GGC CAG GAA CTG GGC GGC CGT ACC TGG	5097
	Val Thr Ser Ala Glu Pro Ala Gly Gln Glu Leu Gly Gly Arg Thr Trp	
	85 90 95	
20	AGT TCA CGC TCA GCG ACC CTC CTG CGG GAG CTG TTC GGC CCG CCG TCC	5145
	Ser Ser Arg Ser Ala Thr Leu Leu Arg Glu Leu Phe Gly Pro Pro Ser	
	100 105 110	
25	GGC CGC ACC GCG GGG GGC TTC GGC GTC TCC TTC CTG CCC GAC CTG CGC	5193
	Gly Arg Thr Ala Gly Gly Phe Gly Val Ser Phe Leu Pro Asp Leu Arg	
	115 120 125	
	GGC CCG CGG ACC ATG GAG GGC GCG GCC CTG GCC GCC CGC GCC ACC AAC	5241
30	Gly Pro Arg Thr Met Glu Gly Ala Ala Leu Ala Ala Arg Ala Thr Asn	
	130 135 140	
	GTG GTG CTG CAC GCG ACG ACC AAC GAG ACG CCC CCA CTG GAC CGG CTG	5289
	Val Val Leu His Ala Thr Thr Asn Glu Thr Pro Pro Leu Asp Arg Leu	
35	145 150 155 160	
	GCC CTG CGC TAC GAG TCC GAC AAG TGG GGC GGC GTC CAC TGG TTC ACC	5337
	Ala Leu Arg Tyr Glu Ser Asp Lys Trp Gly Gly Val His Trp Phe Thr	
	165 170 175	
40	GGC CAC TAC GAC CGG CAC CTG CGG GCC GTG CGC GAC CAG GCG GTG CGG	5385
	Gly His Tyr Asp Arg His Leu Arg Ala Val Arg Asp Gln Ala Val Arg	
	180 185 190	

52

	ATC	CTG	GAG	ATC	GGC	ATC	GGC	GGC	TAC	GAC	GAC	CTG	CTG	CCG	AGC	GGC	5433
	Ile	Leu	Glu	Ile	Gly	Ile	Gly	Gly	Tyr	Asp	Asp	Leu	Leu	Pro	Ser	Gly	
			195					200						205			
5	GCC	TCA	CTG	AAG	ATG	TGG	AAG	CGC	TAC	TTC	CCG	CGC	GGC	CTG	GTC	TTC	5481
	Ala	Ser	Leu	Lys	Met	Trp	Lys	Arg	Tyr	Phe	Pro	Arg	Gly	Leu	Val	Phe	
			210				215					220					
	GGC	GTG	GAC	ATC	TTC	GAC	AGT	CGG	CGT	GCG	ACC	AGC	CGC	GTG	TCA	AGA	5529
10	Gly	Val	Asp	Ile	Phe	Asp	Ser	Arg	Arg	Ala	Thr	Ser	Arg	Val	Ser	Arg	
			225				230					235				240	
	CGC	TCC	GCG	GCC	CGG	CAG	GAC	GAC	CCG	GAG	TTC	ATG	CGC	CGC	GTC	GCC	5577
	Arg	Ser	Ala	Ala	Arg	Gln	Asp	Asp	Pro	Glu	Phe	Met	Arg	Arg	Val	Ala	
15					245					250					255		
	GAG	GAG	CAC	GGG	CCG	TTC	GAC	GTC	ATC	ATC	GAC	GAC	GGC	AGC	CAC	ATC	5625
	Glu	Glu	His	Gly	Pro	Phe	Asp	Val	Ile	Ile	Asp	Asp	Gly	Ser	His	Ile	
				260					265						270		
20	AAC	GCA	CAC	ATG	CGG	ACG	TCG	TTC	TCG	GTG	ATG	TTC	CCC	CAC	CTG	CGC	5673
	Asn	Ala	His	Met	Arg	Thr	Ser	Phe	Ser	Val	Met	Phe	Pro	His	Leu	Arg	
				275				280					285				
25	AAC	GGC	GGC	TTC	TAC	GTC	ATC	GAG	GAC	ACC	TTC	ACC	TCC	TAC	TGG	CCC	5721
	Asn	Gly	Gly	Phe	Tyr	Val	Ile	Glu	Asp	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr	Trp	Pro	
			290				295						300				
	GGG	TAC	GGA	GGG	CCA	TCC	GGA	GCC	CGG	TGC	CCG	TCC	GGA	ACA	ACC	GCG	5769
30	Gly	Tyr	Gly	Gly	Pro	Ser	Gly	Ala	Arg	Cys	Pro	Ser	Gly	Thr	Thr	Ala	
		305				310					315					320	
	CTG	GAG	ATG	GTC	AAG	GGA	CTG	ATC	GAC	TCG	GTG	CAC	TAC	GAG	GAG	CGG	5817
	Leu	Glu	Met	Val	Lys	Gly	Leu	Ile	Asp	Ser	Val	His	Tyr	Glu	Glu	Arg	
35					325					330					335		
	CCG	GAC	GGC	GCG	GCC	ACG	GCC	GAC	TAC	ATC	GCC	AGG	AAC	CTC	GTC	GGG	5865
	Pro	Asp	Gly	Ala	Ala	Thr	Ala	Asp	Tyr	Ile	Ala	Arg	Asn	Leu	Val	Gly	
				340					345					350			
40	CTG	CAC	GCC	TAC	CAA	ACG	ACC	TCG	TCT	TCC	TCG	AGA	AGG	GCG	ATC	AAC	5913
	Leu	His	Ala	Tyr	Gln	Thr	Thr	Ser	Ser	Ser	Ser	Arg	Arg	Ala	Ile	Asn	
				355				360						365			

45

53

AAG GAG GGC GGC ATC CCC CAC ACC GTG CCC CGG GAG CCG TTC TGG AAC 5961
 Lys Glu Gly Gly Ile Pro His Thr Val Pro Arg Glu Pro Phe Trp Asn
 370 375 380
 5 GAC AAC TAGCCACGGC CGCAACCAGA GCCGGAACCC GCACCACTGT CCGCGCCACC 6017
 Asp Asn
 385
 TCGGAACCAC CTCAGCAAA GGACACACCG CTGTGACCGA TACGCACACC GGACCGACAC 6077
 10 CGGCCGACGC GGTACC 6093

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16:

15

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 401 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

20

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:

Met Glu Asp Ser Glu Leu Gly Arg Arg Leu Gln Met Leu Arg Gly Met
 25 1 5 10 15
 Gln Trp Val Phe Gly Ala Asn Gly Asp Pro Tyr Ala Arg Leu Leu Cys
 20 25 30
 30 Gly Met Glu Asp Asp Pro Ser Pro Phe Tyr Asp Ala Ile Arg Thr Leu
 35 40 45
 Gly Glu Leu His Arg Ser Arg Thr Gly Ala Trp Val Thr Ala Asp Pro
 50 55 60
 35 Gly Leu Gly Gly Arg Ile Leu Ala Asp Arg Lys Ala Arg Cys Pro Glu
 65 70 75 80
 Gly Ser Trp Pro Val Arg Ala Lys Thr Asp Gly Leu Glu Gln Tyr Val
 40 85 90 95
 Leu Pro Gly His Gln Ala Phe Leu Arg Leu Glu Arg Glu Glu Ala Glu
 100 105 110
 45 Arg Leu Arg Glu Val Ala Ala Pro Val Leu Gly Ala Ala Val Asp
 115 120 125

Ala Trp Arg Pro Leu Ile Asp Glu Val Cys Ala Gly Leu Ala Lys Gly
 130 135 140

Leu Pro Asp Thr Phe Asp Leu Val Glu Glu Tyr Ala Gly Leu Val Pro
 5 145 150 155 160

Val Glu Val Leu Ala Arg Ile Trp Gly Val Pro Glu Glu Asp Arg Ala
 165 170 175

10 Arg Phe Gly Arg Asp Cys Arg Ala Leu Ala Pro Ala Leu Asp Ser Leu
 180 185 190

Leu Cys Pro Gln Gln Leu Ala Leu Ser Lys Asp Met Ala Ser Ala Leu
 195 200 205

15 Glu Asp Leu Arg Leu Leu Phe Asp Gly Leu Asp Ala Thr Pro Arg Leu
 210 215 220

Ala Gly Pro Ala Asp Gly Asp Gly Thr Ala Val Ala Met Leu Thr Val
 20 225 230 235 240

Leu Leu Cys Thr Glu Pro Val Thr Thr Ala Ile Gly Asn Thr Val Leu
 245 250 255

25 Gly Leu Leu Pro Gly Gln Trp Pro Val Pro Cys Thr Gly Arg Val Ala
 260 265 270

Ala Gly Gln Val Ala Gly Gln Ala Leu His Arg Ala Val Ser Tyr Arg
 275 280 285

30 Ile Ala Thr Arg Phe Ala Arg Glu Asp Leu Glu Leu Ala Gly Cys Glu
 290 295 300

Val Lys Ser Gly Asp Glu Val Val Val Leu Ala Gly Ala Ile Gly Arg
 35 305 310 315 320

Asn Gly Pro Ser Ala Ala Ala Pro Pro Ala Pro Pro Gly Pro Ala Ala
 325 330 335

40 Pro Pro Ala Pro Ser Val Phe Gly Ala Ala Ala Phe Glu Asn Ala Leu
 340 345 350

Ala Glu Pro Leu Val Arg Ala Val Thr Gly Ala Ala Leu Gln Ala Leu
 355 360 365

45

55

Ala Glu Gly Pro Pro Arg Leu Thr Ala Ala Gly Pro Val Val Arg Arg
 370 375 380

Arg Arg Ser Pro Val Val Gly Gly Leu His Arg Ala Pro Val Ala Ala
 5 385 390 395 400

Ala

10 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 17:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 426 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

15 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:

20 Met Met Met Thr Thr Phe Ala Ala Asn Thr His Phe Gln Pro Leu Val
 1 5 10 15

Pro Leu Ala Trp Ala Leu Arg Thr Ala Gly His Glu Val Arg Val Val
 20 25 30

25 Ser Gln Pro Ser Leu Ser Asp Val Val Thr Gln Ala Gly Leu Thr Ser
 35 40 45

30 Val Pro Val Gly Thr Glu Ala Pro Val Glu Gln Phe Ala Ala Thr Trp
 50 55 60

Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Gly Val Asn Ser Ile Asp Phe Thr Gly Asn
 65 70 75 80

35 Asp Pro Gly Leu Trp Thr Trp Pro Tyr Leu Leu Gly Met Glu Thr Met
 85 90 95

Leu Val Pro Ala Phe Tyr Glu Leu Leu Asn Asn Glu Ser Phe Val Asp
 100 105 110

40 Gly Val Val Glu Phe Ala Arg Asp Trp Arg Pro Asp Leu Val Ile Trp
 115 120 125

Glu Pro Leu Thr Phe Ala Gly Ala Val Ala Ala Arg Val Thr Gly Ala
 130 135 140

56

	Ala	His	Ala	Arg	Leu	Pro	Trp	Gly	Gln	Glu	Ile	Thr	Leu	Arg	Gly	Arg	145	150	155	160
	Gln	Ala	Phe	Leu	Ala	Glu	Arg	Ala	Leu	Gln	Pro	Phe	Glu	His	Arg	Glu	5	165	170	175
	Asp	Pro	Thr	Ala	Glu	Trp	Leu	Gly	Arg	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Gly	Cys	180	185	190	
10	Ser	Phe	Asp	Glu	Glu	Met	Val	Thr	Gly	Gln	Trp	Thr	Ile	Asp	Thr	Leu	195	200	205	
	Pro	Arg	Ser	Met	Arg	Leu	Glu	Leu	Ser	Glu	Glu	Leu	Arg	Thr	Leu	Asp	210	215	220	
15	Met	Arg	Tyr	Val	Pro	Tyr	Asn	Gly	Pro	Ala	Val	Val	Pro	Pro	Trp	Val	225	230	235	240
	Trp	Glu	Pro	Cys	Glu	Arg	Pro	Arg	Val	Cys	Leu	Thr	Ile	Gly	Thr	Ser	20	245	250	255
	Gln	Arg	Asp	Ser	Gly	Arg	Asp	His	Val	Pro	Leu	Asp	His	Leu	Leu	Asp	260	265	270	
25	Ser	Leu	Ala	Asp	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Val	Ala	Thr	Leu	Asp	Thr	Thr	275	280	285	
	Gln	Gln	Glu	Arg	Leu	Arg	Gly	Ala	Ala	Pro	Gly	Asn	Val	Arg	Leu	Val	290	295	300	
30	Asp	Phe	Val	Pro	Leu	His	Ala	Leu	Met	Pro	Thr	Cys	Ser	Ala	Ile	Val	305	310	315	320
	His	His	Gly	Gly	Pro	Gly	Thr	Trp	Ser	Thr	Ala	Ala	Leu	His	Gly	Val	35	325	330	335
	Pro	Gln	Ile	Ile	Leu	Asp	Thr	Ser	Trp	Asp	Thr	Pro	Val	Arg	Ala	Gln	340	345	350	
40	Arg	Met	Gln	Gln	Leu	Gly	Ala	Gly	Leu	Ser	Met	Pro	Val	Gly	Glu	Leu	355	360	365	
	Gly	Val	Glu	Ala	Leu	Arg	Asp	Arg	Val	Leu	Arg	Leu	Leu	Gly	Glu	Pro	370	375	380	

45

57

Glu Phe Arg Ala Gly Ala Glu Arg Ile Arg Ala Glu Met Leu Ala Met
 385 390 395 400

Pro Ala Pro Gly Asp Val Val Pro Asp Leu Glu Arg Leu Thr Ala Glu
 5 405 410 415

His Ala Thr Gly Ala Met Ala Gly Arg Arg
 420 425

10

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 426 acides aminés

15

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

20

Met Arg Val Leu Leu Thr Cys Phe Ala Asn Asp Thr His Phe His Gly
 1 5 10 15

Leu Val Pro Leu Ala Trp Ala Leu Arg Ala Ala Gly His Glu Val Arg
 25 30 35 40

Val Ala Ser Gln Pro Ala Leu Ser Asp Thr Ile Thr Gln Ala Gly Leu
 35 40 45

30 Thr Ala Val Pro Val Gly Arg Asp Thr Ala Phe Leu Glu Leu Met Gly
 50 55 60

Glu Ile Gly Ala Asp Val Gln Lys Tyr Ser Thr Gly Ile Asp Leu Gly
 65 70 75 80

35

Val Arg Ala Glu Leu Thr Ser Trp Glu Tyr Leu Leu Gly Met His Thr
 85 90 95

Thr Leu Val Pro Thr Phe Tyr Ser Leu Val Asn Asp Glu Pro Phe Val
 40 100 105 110

Asp Gly Leu Val Ala Leu Thr Arg Ala Trp Arg Pro Asp Leu Ile Leu
 115 120 125

45 Trp Glu His Phe Ser Phe Ala Gly Ala Leu Ala Ala Arg Ala Thr Gly
 130 135 140

58

Thr Pro His Ala Arg Val Leu Trp Gly Ser Asp Leu Ile Val Arg Phe
 145 150 155 160

Arg Arg Asp Phe Leu Ala Glu Arg Ala Asn Arg Pro Ala Glu His Arg
 5 165 170 175

Glu Asp Pro Met Ala Glu Trp Leu Gly Trp Ala Ala Glu Arg Leu Gly
 180 185 190

10 Ser Thr Phe Asp Glu Glu Leu Val Thr Gly Gln Trp Thr Ile Asp Pro
 195 200 205

Leu Pro Arg Ser Met Arg Leu Pro Thr Gly Thr Thr Thr Val Pro Met
 210 215 220

15 Arg Tyr Val Pro Tyr Asn Gly Arg Ala Val Val Pro Ala Trp Val Arg
 225 230 235 240

Gln Arg Ala Arg Arg Pro Arg Ile Cys Leu Thr Leu Gly Val Ser Ala
 20 245 250 255

Arg Gln Thr Leu Gly Asp Gly Val Ser Leu Ala Glu Val Leu Ala Ala
 260 265 270

25 Leu Gly Asp Val Asp Ala Glu Ile Val Ala Thr Leu Asp Ala Ser Gln
 275 280 285

Arg Lys Leu Leu Gly Pro Val Pro Asp Asn Val Arg Leu Val Asp Phe
 290 295 300

30 Val Pro Leu His Ala Leu Met Pro Thr Cys Ser Ala Ile Val His His
 305 310 315 320

Gly Gly Ala Gly Thr Trp Leu Thr Ala Ala Val His Gly Val Pro Gln
 35 325 330 335

Ile Val Leu Gly Asp Leu Trp Asp Asn Leu Leu Arg Ala Arg Gln Thr
 340 345 350

40 Gln Ala Ala Gly Ala Gly Leu Phe Ile His Pro Ser Glu Val Thr Ala
 355 360 365

Ala Gly Leu Gly Glu Gly Val Arg Arg Val Leu Thr Asp Pro Ser Ile
 370 375 380

45

59

Arg Ala Ala Ala Gln Arg Val Arg Asp Glu Met Asn Ala Glu Pro Thr
 385 390 395 400

Pro Gly Glu Val Val Thr Val Leu Glu Arg Leu Ala Ala Ser Gly Gly
 5 405 410 415

Arg Gly Arg Gly Gly Gly Asn His Ala Gly
 420 425

10

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 386 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

20

Met Ser Tyr Asp Asp His Ala Val Leu Glu Ala Ile Leu Arg Cys Ala
 1 5 10 15

Gly Gly Asp Glu Arg Phe Leu Leu Asn Thr Val Glu Glu Trp Gly Ala
 25 20 25 30

Ala Glu Ile Thr Ala Ala Leu Val Asp Glu Leu Leu Phe Arg Cys Glu
 35 40 45

30 Ile Pro Gln Val Gly Gly Glu Ala Phe Ile Gly Leu Asp Val Leu His
 50 55 60

Gly Ala Asp Arg Ile Ser His Val Leu Gln Val Thr Asp Gly Lys Pro
 65 70 75 80

35

Val Thr Ser Ala Glu Pro Ala Gly Gln Glu Leu Gly Gly Arg Thr Trp
 85 90 95

Ser Ser Arg Ser Ala Thr Leu Leu Arg Glu Leu Phe Gly Pro Pro Ser
 40 100 105 110

Gly Arg Thr Ala Glu Gly Gly Phe Gly Val Ser Phe Leu Pro Asp Leu Arg
 115 120 125

45 Gly Pro Arg Thr Met Glu Gly Ala Ala Leu Ala Ala Arg Ala Thr Asn
 130 135 140

60

Val Val Leu His Ala Thr Thr Asn Glu Thr Pro Pro Leu Asp Arg Leu
 145 150 155 160

Ala Leu Arg Tyr Glu Ser Asp Lys Trp Gly Gly Val His Trp Phe Thr
 5 165 170 175

Gly His Tyr Asp Arg His Leu Arg Ala Val Arg Asp Gln Ala Val Arg
 180 185 190

10 Ile Leu Glu Ile Gly Ile Gly Gly Tyr Asp Asp Leu Leu Pro Ser Gly
 195 200 205

Ala Ser Leu Lys Met Trp Lys Arg Tyr Phe Pro Arg Gly Leu Val Phe
 210 215 220

15 Gly Val Asp Ile Phe Asp Ser Arg Arg Ala Thr Ser Arg Val Ser Arg
 225 230 235 240

Arg Ser Ala Ala Arg Gln Asp Asp Pro Glu Phe Met Arg Arg Val Ala
 20 245 250 255

Glu Glu His Gly Pro Phe Asp Val Ile Ile Asp Asp Gly Ser His Ile
 260 265 270

25 Asn Ala His Met Arg Thr Ser Phe Ser Val Met Phe Pro His Leu Arg
 275 280 285

Asn Gly Gly Phe Tyr Val Ile Glu Asp Thr Phe Thr Ser Tyr Trp Pro
 290 295 300

30 Gly Tyr Gly Gly Pro Ser Gly Ala Arg Cys Pro Ser Gly Thr Thr Ala
 305 310 315 320

Leu Glu Met Val Lys Gly Leu Ile Asp Ser Val His Tyr Glu Glu Arg
 35 325 330 335

Pro Asp Gly Ala Ala Thr Ala Asp Tyr Ile Ala Arg Asn Leu Val Gly
 340 345 350

40 Leu His Ala Tyr Gln Thr Thr Ser Ser Ser Ser Arg Arg Ala Ile Asn
 355 360 365

Lys Glu Gly Gly Ile Pro His Thr Val Pro Arg Glu Pro Phe Trp Asn
 370 375 380

45

Asp Asn
385

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20:

5

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 738 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: double

10 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(vi) ORIGINE:

15 (A) ORGANISME: Streptomyces antibioticus

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

(B) EMBLACEMENT: 1..738

20 (D) AUTRES INFORMATIONS: /gene= "oleM"

/note= "SEQ ID NO 15 DE 3992 A 4729"

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: mat_peptide

25 (B) EMBLACEMENT: 1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

30 ATG CGG GCT GAC ACG GAG CCG ACC ACC GGG TAC GAG GAC GAG TTC GCC 48

Met Arg Ala Asp Thr Glu Pro Thr Thr Gly Tyr Glu Asp Glu Phe Ala

1 5 10 15

GAG ATC TAC GAC GCC GTG TAC CGG GGC CGG GGC AAG GAC TAC GCC GGC 96

35 Glu Ile Tyr Asp Ala Val Tyr Arg Gly Arg Gly Lys Asp Tyr Ala Gly

20 25 30

GAG GCG AAG GAC GTG GCG GAC CTC GTG GCG GAC CGG GTG CCG GAC GCG 144

Glu Ala Lys Asp Val Ala Asp Leu Val Arg Asp Arg Val Pro Asp Ala

40 35 40 45

TCC TCC CTC CTG GAC GTG GCC TGC GGC ACG GGC GCG CAC CTG CGG CAC 192

Ser Ser Leu Leu Asp Val Ala Cys Gly Thr Gly Ala His Leu Arg His

50 55 60

45

62

	TTC	GCC	ACG	CTC	TTC	GAC	GAC	GCC	CGC	GGT	CTC	GAA	CTG	TCC	GCG	AGC	240
	Phe	Ala	Thr	Leu	Phe	Asp	Asp	Ala	Arg	Gly	Leu	Glu	Leu	Ser	Ala	Ser	
	65					70					75					80	
5	ATG	CTG	GAC	ATC	GCC	CGC	TCC	CGC	ATG	CCG	GGC	GTG	CCG	CTG	CAC	CAA	288
	Met	Leu	Asp	Ile	Ala	Arg	Ser	Arg	Met	Pro	Gly	Val	Pro	Leu	His	Gln	
					85					90					95		
	GGG	GAC	ATG	CGA	TCC	TTC	GAC	CTG	GGG	CCA	CGC	GTC	TCC	GCG	GTC	ACC	336
10	Gly	Asp	Met	Arg	Ser	Phe	Asp	Leu	Gly	Pro	Arg	Val	Ser	Ala	Val	Thr	
				100					105					110			
	TGC	ATG	TTC	AGC	TCC	GTC	GGC	CAC	CTG	GCC	ACC	ACC	GCC	GAA	CTC	GAC	384
	Cys	Met	Phe	Ser	Ser	Val	Gly	His	Leu	Ala	Thr	Thr	Ala	Glu	Leu	Asp	
15			115					120					125				
	GCG	ACG	CTG	CGG	TGC	TTC	GCC	CGG	CAC	ACC	CGG	CCC	GGC	GGC	GTG	GCC	432
	Ala	Thr	Leu	Arg	Cys	Phe	Ala	Arg	His	Thr	Arg	Pro	Gly	Gly	Val	Ala	
			130				135					140					
20	GTC	ATC	GAA	CCG	TGG	TGG	TTC	CCG	GAG	ACC	TTC	ACC	GAC	GGC	TAC	GTG	480
	Val	Ile	Glu	Pro	Trp	Trp	Phe	Pro	Glu	Thr	Phe	Thr	Asp	Gly	Tyr	Val	
	145				150					155					160		
25	GCG	GGT	GAC	ATC	GTA	CGC	GTC	GAC	GGC	CGG	ACC	ATC	TCC	CGG	GTG	TCC	528
	Ala	Gly	Asp	Ile	Val	Arg	Val	Asp	Gly	Arg	Thr	Ile	Ser	Arg	Val	Ser	
				165						170					175		
	CAC	TCG	GTA	CGG	GAC	GGC	GGC	GCC	ACC	CGC	ATG	GAG	ATC	CAC	TAC	GTG	576
30	His	Ser	Val	Arg	Asp	Gly	Gly	Ala	Thr	Arg	Met	Glu	Ile	His	Tyr	Val	
			180						185					190			
	ATC	GCC	GAC	GCC	GAG	CAC	GGT	CCC	CGG	CAC	CTG	GTC	GAG	CAC	CAC	CGC	624
	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	His	Gly	Pro	Arg	His	Leu	Val	Glu	His	His	Arg	
35			195					200					205				
	ATC	ACG	CTG	TTC	CCG	CGG	CAT	GCG	TAC	ACG	GCC	GCG	TAC	GAG	AAG	GCG	672
	Ile	Thr	Leu	Phe	Pro	Arg	His	Ala	Tyr	Thr	Ala	Ala	Tyr	Glu	Lys	Ala	
		210					215					220					
40	GGC	TAC	ACC	GTC	GAG	TAC	CTC	GAC	GGC	GGG	CCC	TCG	GGC	CGG	GGG	CTG	720
	Gly	Tyr	Thr	Val	Glu	Tyr	Leu	Asp	Gly	Gly	Pro	Ser	Gly	Arg	Gly	Leu	
	225					230					235				240		

TTC GTC GGC ACC CGG ACG
 Phe Val Gly Thr Arg Thr
 245

5

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 246 acides aminés

10

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

15

Met Arg Ala Asp Thr Glu Pro Thr Thr Gly Tyr Glu Asp Glu Phe Ala
 1 5 10 15

20

Glu Ile Tyr Asp Ala Val Tyr Arg Gly Arg Gly Lys Asp Tyr Ala Gly
 20 25 30

Glu Ala Lys Asp Val Ala Asp Leu Val Arg Asp Arg Val Pro Asp Ala
 35 40 45

25

Ser Ser Leu Leu Asp Val Ala Cys Gly Thr Gly Ala His Leu Arg His
 50 55 60

Phe Ala Thr Leu Phe Asp Asp Ala Arg Gly Leu Glu Leu Ser Ala Ser
 65 70 75 80

30

Met Leu Asp Ile Ala Arg Ser Arg Met Pro Gly Val Pro Leu His Gln
 85 90 95

35

Gly Asp Met Arg Ser Phe Asp Leu Gly Pro Arg Val Ser Ala Val Thr
 100 105 110

Cys Met Phe Ser Ser Val Gly His Leu Ala Thr Thr Ala Glu Leu Asp
 115 120 125

40

Ala Thr Leu Arg Cys Phe Ala Arg His Thr Arg Pro Gly Gly Val Ala
 130 135 140

Val Ile Glu Pro Trp Trp Phe Pro Glu Thr Phe Thr Asp Gly Tyr Val
 145 150 155 160

45

64

Ala Gly Asp Ile Val Arg Val Asp Gly Arg Thr Ile Ser Arg Val Ser
 165 170 175

His Ser Val Arg Asp Gly Gly Ala Thr Arg Met Glu Ile His Tyr Val
 5 180 185 190

Ile Ala Asp Ala Glu His Gly Pro Arg His Leu Val Glu His His Arg
 195 200 205

10 Ile Thr Leu Phe Pro Arg His Ala Tyr Thr Ala Ala Tyr Glu Lys Ala
 210 215 220

Gly Tyr Thr Val Glu Tyr Leu Asp Gly Gly Pro Ser Gly Arg Gly Leu
 225 230 235 240

15

Phe Val Gly Thr Arg Thr
 245

20 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

25 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

30

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

TCCTCGATGG AGACCTGCC

19

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

40

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

45

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

GAGACCATGC CCAGGGAGT

19

5 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

10 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

15

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

TCTGGGAGCC GCTCACCTT

19

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

25 (B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

30 (A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

35 GACGAGGCCG AAGAGGTGG

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 26:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

40 (A) LONGUEUR: 19 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

45 (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 26:

GCACACCGGA ATGGATGCG

19

5

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 27:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

10

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

15

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 27:

20 CCGTCGAGCT CTGAGGTAA

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 28:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

25

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

30 (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 28:

35

GCCCCGAGCCG CACGTGCGT

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 29:

40 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 20 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

45

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 29:

5

TGCACGCGCT GCTGCCGACC

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 30:

10

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 20 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

15

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

20

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 30:

TTGGCGAAGT CGACCAGGTC

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 31:

25

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 23 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

30

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

35

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 31:

GCCGCTCGGC ACGGTGAAC TCA

23

40 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 32:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 24 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

45

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

5 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 32:

ATGCGCGTCG TCTTCTCTC CATG

24

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 33:

10

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 21 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

15

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

20

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 33:

TCATCGTGGT TCTCTCCTTC C

21

25 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 34:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 23 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

30

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

35

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 34:

GGAATTCATG ACCACGACCG ATC

23

40

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 35:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 28 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple

45

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

5

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 35:

CGCTCCAGGT GCAATGCCGG GTGCAGGC

28

10

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 36:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 22 paires de bases

15

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

20

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 36:

25 GATCACGCTC TTCGAGCGGC AG

22

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 37:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

30

(A) LONGUEUR: 21 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

35

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 37:

40

GAACTCGGTG GAGTCGATGT C

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 38:

45

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 21 paires de bases

- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

- 5 (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 38:

10

GTGTGCGATC AAGACCCGCA C

21

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 39:

- 15 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 22 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

20

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

- 25 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 39:

CATCGTCAAG GAGTTCGACG GT

22

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 40:

30

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 25 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

35

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

40

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 40:

TGCGCAGGTC CATGTTACCC ACGTT

25

- 45 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 41:

71

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 20 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

5 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

10

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 41:

GCTACGCCCT GGAGAGCCTG

20

15 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 42:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 21 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

20 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

25

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 42:

GTCGCGGTCG GAGAGCACGA C

21

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 43:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 21 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

35 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

40

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 43:

45 GCCAGCTCGG CGACGTCCAT C

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 44:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

5

(A) LONGUEUR: 19 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

10

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 44:

15 CGACGAGGTC GTGCATCAG

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 45:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

20

(A) LONGUEUR: 56 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

25

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 45:

30

AATTGATCAA GGTGAACACG GTCATGCGCA GGATCCTCGA GCGGAATCC ATGGGG

56

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 46:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

35

(A) LONGUEUR: 56 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

40

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

45

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 46:

CCCCATGGAG TTCGCTCGA GGATCCTGCG CATGACCGTG TTCACCTGA TCAATT

56

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 47:

5 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 32 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

10

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

15 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 47:

AACTCGGTGG AGTCGATGTC GTCGCTGCGG AA

32

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 48:

20

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 27 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

25

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

30

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 48:

CAATATAGGA AGGATCAAGA GGTGAC

27

35 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 49:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 39 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

40

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

45

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 49:

TCCGGAGGTG TGCTGTCGGA CGGACTTGTC GGTCGGAAA

39

5 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 50:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 33 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

10 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

15

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 50:

20

AGGAGCACTA GTGCGGTAC TGCTGACGTC CTT

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 51:

25 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 37 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

30

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 51:

GGGGGATCCC ATATGCGGGT ACTGCTGACG TCCTTCG

37

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 52:

40

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 37 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

45 (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

5 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 52:

GAAAAGATCT GCCGGCGTGG CGGCGCGTGA GTTCCTC

37

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 53:

10

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 27 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

15

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

20

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 53:

AGCGGCTTGA TCGTGTGGA CAGTAC

27

25 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 54:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 27 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

30

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

35

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 54:

GGCCTATGTG GACTACGTGT TGAACGT

27

40

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 55:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 31 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple

45

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

5

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 55:

AACGCCTCGT CCTGCAGCGG AGACACGAAC A

31

10

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 56:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 27 paires de bases

15

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

20

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 56:

25 TTCGCTCCCC GATGAACACA ACTCGTA

27

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 57:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

30

(A) LONGUEUR: 35 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

35 (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 57:

40

GAAGGAGATA TACATATGCG CGTCGICTTC TCCTC

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 58:

45

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 32 paires de bases

- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

- 5 (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 58:

10

CGGGATCCTC ATCGTGGTTC TCTCCTCCT GC

32

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 59:

- 15 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 32 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

20

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

- 25 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 59:

CGGGTACCAT GCGCGTCGTC TTCTCCTCCA TG

32

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 60:

30

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 29 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

35

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
(A) DESCRIPTION: /desc = "OLIGONUCLEOTIDE"

40

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 60:

CGGGTACCTC ATCGTGGTTC TCTCCTTCC

29

- 45 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 61:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 13 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- 5 (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: peptide
- (ix) CARACTERISTIQUE:
- 10 (A) NOM/CLE: Peptide
- (B) EMPLACEMENT:1..13
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/note= "SEQ ID NO 11 DE 38 A 50"
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 61:
- 15 Val Thr Gly Ala Gly Asp Gly Asp Ala Asp Val Gln Ala
- 1 5 10